

POWERED BY **Dialog**

New DNA sequences encoding sucrose regulating enzymes of sugar beet - for regulating sucrose concn. specifically ADP glucose pyrophosphorylase, sucrose phosphate synthase and sucrose synthase.

Patent Assignee: SCHERING AG; HOECHST-SCHERING AGREVO GMBH; HOECHST SCHERING AGREVO GMBH

Inventors: HESSE H; MUELLER-ROEBER B; MUELLER-ROEDER B

Patent Family

Patent Number	Kind	Date	Application Number	Kind	Date	Week	Type
DE 4317596	A1	19941201	DE 4317596	A	19930524	199502	B
WO 9428146	A2	19941208	WO 94EP1671	A	19940520	199503	
WO 9428146	A3	19950126	WO 94EP1671	A	19940520	199611	
EP 701617	A1	19960320	EP 94916985	A	19940520	199616	
			WO 94EP1671	A	19940520		
HU 74394	T	19961230	WO 94EP1671	A	19940520	199714	
			HU 953349	A	19940520		
US 5866790	A	19990202	WO 94EP1671	A	19940520	199912	
			US 95553436	A	19951117		

Priority Applications (Number Kind Date): DE 4317596 A (19930524)

Cited Patents: 8. journal ref.; EP 438904 ; EP 455316 ; EP 466995 ; EP 530978 ; WO 9119806; WO 9216631; WO 9309237; No search report pub.

Patent Details

Patent	Kind	Language	Page	Main IPC	Filing Notes
DE 4317596	A1		78	C12N-015/54	
WO 9428146	A2	E	75	C12N-015/82	
Designated States (National): CA HU JP RU UA US					
Designated States (Regional): AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE					
EP 701617	A1	E		C12N-015/82	Based on patent WO 9428146
Designated States (Regional): AT BE CH DE DK ES FR GB GR IE IT LI LU MC NL PT SE					
HU 74394	T			C12N-015/82	Based on patent WO 9428146
US 5866790	A			A01H-005/00	Based on patent WO 9428146
WO 9428146	A3			C12N-015/54	

Abstract:

DE 4317596 A

THIS PAGE BLANK (USPTO)

Four new DNA sequences, for prepn. of sugar beet with altered sucrose concn., contain the coding regions for the large subunit of ADP glucose pyrophosphorylase (A); the small subunit of (A); sucrose phosphate synthase (B) or sucrose synthase (C). They contain, respectively, 1924, 1763, 3635 and 2563 bases and encode proteins of 522, 484, 1085 and 766 amino acids; all these sequences are reproduced in the specification. Also new are (1) derivs. of this DNA produced by individual base exchanges or (non) directed mutagenesis; (2) plasmids contg such DNA under control of promoters which provide expression at a particular time or development stage, or in a specific tissue, with orientation giving transcription of sense or antisense RNA, also a stop signal, and (3) sugar beet contg. such DNA.

USE - These sequences are used to alter sucrose contents of sugar beet, partic. to study the way in which this species regulate changes in carbohydrate content.

Dwg.0/0

Derwent World Patents Index

© 2005 Derwent Information Ltd. All rights reserved.

Dialog® File Number 351 Accession Number 10106232

THIS PAGE BLANK (USPTO)

19 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENTAMT

12 Offenlegungsschrift
10 DE 43 17 596 A 1

51 Int. Cl.⁵:
C 12 N 15/54
C 12 N 9/10
C 12 N 15/63
A 01 H 5/08

21 Aktenzeichen: P 43 17 596.1
22 Anmeldetag: 24. 5. 93
43 Offenlegungstag: 1. 12. 94

71 Anmelder:
Schering AG, 13353 Berlin, DE

72 Erfinder:
Hesse, Holger, 10829 Berlin, DE; Müller-Röber,
Bernd, 12247 Berlin, DE

54 DNA-Sequenzen und Plasmide zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration

57 Es werden DNA-Sequenzen und Plasmide beschrieben, die bei Integration in das pflanzliches Genom der Zuckerrübe die Saccharosekonzentration verändern sowie transgene Zuckerrüben, bei denen nach Einführung der erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen Veränderungen in der Zuckerkonzentration hervorgerufen werden.

DE 43 17 596 A 1

DE 43 17 596 A 1

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft DNA-Sequenzen und Plasmide, die bei Integration in das Genom einer Zuckerrübenpflanze den Zuckermetabolismus verändern sowie die mit Hilfe dieser Sequenzen hergestellten transgenen Pflanzen.

Saccharose ist von zentraler Bedeutung für die Pflanze und dient vielfältigen Funktionen.

Für den Langstreckentransport von Photoassimilaten bzw. Energie zwischen verschiedenen Organen in Pflanzen wird fast ausschließlich Saccharose verwendet. Die Saccharose, die in ein bestimmtes heterotrophes Organ transportiert wird, determiniert das Wachstum und die Entwicklung dieses Organs. So ist z. B. aus der EP 442 592 bekannt, daß transgene Pflanzen, bei denen der Abtransport der Saccharose aus den exportierenden Blättern durch Expression einer apoplastischen Invertase inhibiert wird, eine starke Reduktion des Wachstums von Wurzeln oder Knollen der Kartoffelpflanzen zeigen. Für Tabakpflanzen ist die prinzipielle Bedeutung der Saccharose als zentrale Funktion für den Langstreckentransport von Energieträgern innerhalb der Pflanze beschrieben (von Schaewen et al, 1990, EMBO J 9 : 3033—3044).

Ferner ist aus der EP 455 316 bekannt, daß auf Plasmiden befindliche DNA-Sequenzen nach Einführung in ein pflanzliches Genom einer Kartoffelpflanze in die Stärkebiosynthese eingreifen sowie die Menge und Zusammensetzung des in der Kartoffelknolle enthaltenen Proteins verändern können.

Während es bekannt ist, daß eine Verringerung der Menge der in die heterotrophen Organe wie Knolle und Samen importierten Saccharose zu einem Ertragsverlust führt, ist nicht bekannt, ob eine Erhöhung der Saccharosemenge in den photosynthetisch aktiven Teilen der Pflanze, also primär den Blättern, zu einer verbesserten Versorgung der heterotrophen Organe und damit zu einer Erhöhung des Ertrags führt.

Weiterhin besitzt Saccharose bzw. die von der Saccharose abgeleiteten Hexosen Glukose und Fruktose die Eigenschaft, Pflanzen vor Frostschäden bei niedrigen Temperaturen zu schützen. Schäden durch Frost stellen in der nördlichen Hemisphäre einen der begrenzenden Faktoren landwirtschaftlicher Produktivität dar. Temperaturen unterhalb des Gefrierpunkts führen zur Bildung von Eiskristallen. Da die wachsenden Eiskristalle aus reinem Wasser bestehen, wird den Zellen bei sinkenden Temperaturen Wasser entzogen. Diese Dehydratation hat mindestens zwei potentiell schädliche Folgen:

1. Alle gelösten Stoffe innerhalb einer Zelle werden stark konzentriert und die Zelle kontrahiert sich infolge des Wasserverlustes. Hochkonzentrierte Salze und organische Säuren führen zu Membranschädigungen.
2. Bei der Rehydratation beim Tauen expandiert die vorher kontrahierte Zelle wieder. Die Zellmembranen dehnen sich wieder aus. Die Volumenexpansion stellt eine große mechanische Belastung der Membranen dar.

Es ist also offensichtlich, daß ein Gefrier/Tau Zyklus zu einer starken Membranschädigung der Zellen führen kann und somit zu einer Schädigung der Pflanze.

Es erscheint von daher erstrebenswert, das Gefrieren zu verhindern. Eine der möglichen Strategien ist die verstärkte Bildung von osmotisch aktiven Substanzen im Cytosol pflanzlicher Zellen. Dies sollte zu einer Erniedrigung des Gefrierpunktes führen. Osmotisch aktive Substanzen sind u. a. Saccharose bzw. die beiden aus der Saccharose abgeleiteten Hexosen.

Die vermehrte Bildung von Saccharose bzw. den beiden Hexosen bei niedrigen Temperaturen ist in der wachsenden Pflanze erwünscht. Eine andere Situation kann bei geernteten Teilen einer Pflanze, insbesondere bei deren Lagerung vorliegen.

In Bezug auf wirtschaftliche Aspekte besitzt die Saccharose demnach zwei besonders wichtige Funktionen:

1. Die Funktion als Transportform für den Ferntransport von Photoassimilaten,
2. Die Funktion als osmotisch aktive Substanz mit der erwünschten Wirkung einer Gefrierpunktserniedrigung in der intakten, wachsenden Pflanze.

Die Biosynthesewege zur Bildung von Saccharose entweder aus den primären Photosyntheseprodukten (im Blatt) oder über den Abbau von Stärke (in Speicherorganen wie z. B. der Kartoffel) sind bekannt.

Es ist aber nicht bekannt, wie und über welche Wege in der Zuckerrübe eine Änderung der Kohlenhydratkonzentration erreicht werden kann, da es nicht möglich ist, selbst sehr ähnliche Gene, wie z. B. Gene, die für eine Saccharosesynthase, ADP-Glucose-Pyrophosphorylase oder Saccharosephosphat-Synthase der Kartoffel kodieren, mit zufriedenstellendem Erfolg zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration zu verwenden. Eine genaue Analyse und Bestimmung der für die Zuckerrübe in Betracht kommenden DNA-Sequenzen bzw. Sequenzfragmente ist somit erforderlich.

Für eine Veränderung der Zuckerkonzentration in der Zuckerrübe werden nun DNA-Sequenzen, die für die kleine und große Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, die Saccharose-Synthase und die Saccharosephosphat-Synthase der Zuckerrübe (Seq. ID Nr. 1—4) kodieren, zur Verfügung gestellt.

Diese DNA-Sequenzen können in Plasmide eingebracht und dabei mit Steuerelementen für Expression in eukaryontischen Zellen kombiniert werden. Derartige Steuerelemente sind einerseits Transkriptions-Promotoren und andererseits Transkriptions-Terminatoren.

Jedes Plasmid umfaßt

- a) einen geeigneten Promotor, der sicherstellt, daß die kodierende Sequenz zum geeigneten Zeitpunkt oder in einem bestimmten Entwicklungszustand in der transgenen Pflanze oder in bestimmten Geweben von transgenen Pflanzen abgelesen wird,

b) mindestens eine kodierende Sequenz für Zuckerrübe, die

i) so an den Promotor gekoppelt ist, daß die Bildung einer in ein Protein translatierbaren RNA erlaubt wird, wobei das Protein eine enzymatische Aktivität aufweist, die zu einer Veränderung der Saccharosekonzentration in der Pflanze führt oder

ii) die so an den Promotor gekoppelt ist, daß der nicht-kodierende Strang abgelesen wird, was zur Bildung einer sog. "anti-sense" RNA führt, die die Bildung des von einem endogenen Gen in der Pflanze kodierten Proteins, das in der Saccharosebiosynthese involviert ist, unterdrückt und

c) eine nicht-kodierende Terminations-Sequenz, die die Signale zur Termination und Poly-Adenylierung des Transkripts enthält.

Die unter b) genannten kodierenden Sequenzen sind die Sequenzen, die für die große und kleine Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, für die Saccharosephosphat-Synthase und für die Saccharosesynthase aus Zuckerrübe kodieren.

Die große Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID Nr. 1):

CAAAAGAAAA ACTTCCCATT TCTACTTCTT TGCACAATAT AATTTCCCAC 0050

CAATTTTCT TTAATTTCT CACTTTCATT TAATCAGTTT TCAGCAACAT 0100

TCTGATACTC GACAACCCAC TTTCTGTTCT CCCAAGATTC CAAACCTCTG 0150

ATTCTCATTC CACTAATATT TTTGCTTATT TTTTTCCTGG ATTTAAAGAA 0200

AAGCT ATG GAT GCA AGT GCA GCA GCC ATA AAT GTC AAT GCC CAT 0243

Met Asp Ala Ser Ala Ala Ala Ile Asn Val Asn Ala His

5

10

TTA ACA GAA GTT GGA AAG AAA CGT TTT TTA GGA GAG AGA ATC AGT 0288

Leu Thr Glu Val Gly Lys Lys Arg Phe Leu Gly Glu Arg Ile Ser

15

20

25

DE 43 17 596 A1

5	CAA AGT TTG AAG GGT AAA GAT CTG AGA GCT CTG TTT TCA AGA ACT	0333
	Gln Ser Leu Lys Gly Lys Asp Leu Arg Ala Leu Phe Ser Arg Thr	
	30 35 40	
10	GAG AGC AAG GGT AGA AAT GTC AAT AAA CCT GGG GTT GCA TTT TCT	0378
	Glu Ser Lys Gly Arg Asn Val Asn Lys Pro Gly Val Ala Phe Ser	
	45 50 55	
15	GTT CTC ACC TCA GAT TTT AAT CAA AGT GTT AAA GAA TCT TTG AAA	0423
	Val Leu Thr Ser Asp Phe Asn Gln Ser Val Lys Glu Ser Leu Lys	
	60 65 70	
20	TAT GAG CCA GCA TTA TTT GAA TCT CCA AAA GCT GAC CCA AAA AAT	0468
	Tyr Glu Pro Ala Leu Phe Glu Ser Pro Lys Ala Asp Pro Lys Asn	
25	75 80 85	
30	GTG GCT GCA ATT GTG CTG GGT GGT GGT GCT GGG ACT CGC CTC TTT	0513
	Val Ala Ala Ile Val Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Phe	
	90 95 100	
35	CCT CTT ACT AGC AGG AGA GCT AAG CCA GCA GTG CCA ATT GGA GGG	0558
	Pro Leu Thr Ser Arg Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Ile Gly Gly	
40	105 110 115	
45	TGT TAC AGG CTG ATT GAT GTG CCT ATG AGC AAC TGC ATC AAC AGT	0603
	Cys Tyr Arg Leu Ile Asp Val Pro Met Ser Asn Cys Ile Asn Ser	
	120 125 130	
50	GGC ATT AGA AAG ATT TTC ATT CTT ACC CAG TTC AAT TCG TTT TCG	0648
	Gly Ile Arg Lys Ile Phe Ile Leu Thr Gln Phe Asn Ser Phe Ser	
	135 140 145	
55	CTT AAT CGT CAT CTT GCT CGA ACC TAT AAT TTT GGA GAT GGT GTG	0693
	Leu Asn Arg His Leu Ala Arg Thr Tyr Asn Phe Gly Asp Gly Val	
60	150 155 160	

65

DE 43 17 596 A1

AAT TTT GGG GAT GGC TTT GTG GAG GTT TTT GCT GCT ACA CAA ACA	0738	
Asn Phe Gly Asp Gly Phe Val Glu Val Phe Ala Ala Thr Gln Thr		
165 170 175		5
CCT GGA GAA TCA GGA AAG AAA TGG TTC CAG GGC ACC GCT GAT GCA	0783	
Pro Gly Glu Ser Gly Lys Lys Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala		10
180 185 190		
GTA AGA CAG TTT TTC TGG GCA TTT GAG GAT TCC AAA TCC AAG GAT	0828	15
Val Arg Gln Phe Phe Trp Ala Phe Glu Asp Ser Lys Ser Lys Asp		
195 200 205		20
GTC GAG CAT ATA GTT ATT TTA TCC GGT GAT CAT CTT TAC CGA ATG	0873	
Val Glu His Ile Val Ile Leu Ser Gly Asp His Leu Tyr Arg Met		25
210 215 220		
GAT TAC ATG AGT TTT TGG CAG AAG CAC ATT GAC ACC AAT GCT GAT	0918	
Asp Tyr Met Ser Phe Trp Gln Lys His Ile Asp Thr Asn Ala Asp		30
225 230 235		
ATT ACA GTG TCA TGC ATA CCC ATG GAT GAC AGC CGT GCA TCG GAT	0963	35
Ile Thr Val Ser Cys Ile Pro Met Asp Asp Ser Arg Ala Ser Asp		
240 245 250		40
TAT GGG CTG ATG AAG ATT GAT CAC ACT GGA CGC ATT GTC CAT TTT	1008	
Tyr Gly Leu Met Lys Ile Asp His Thr Gly Arg Ile Val His Phe		45
255 260 265		
GCA GAA AAA CCC AAG GGT TCT GAT CTA ACA GCA ATG CAA GTA GAT	1053	50
Ala Glu Lys Pro Lys Gly Ser Asp Leu Thr Ala Met Gln Val Asp		
270 275 280		
ACA ACT GTT CTT GGG CTC TCT GAC CTT GAA GCT ATG TCA AAT CCA	1098	55
Thr Thr Val Leu Gly Leu Ser Asp Leu Glu Ala Met Ser Asn Pro		
285 290 295		60

DE 43 17 596 A1

	TAT ATT GCA TCA ATG GGT GTT TAT GTC TTT CGA ACG GAT GTT CTT	1143
	Tyr Ile Ala Ser Met Gly Val Tyr Val Phe Arg Thr Asp Val Leu	
5	300 305 310	
	ATG GAG CTT CTC AAT CGA AAA TAC CCT TCA AGC AAT GAT TTT GGC	1188
10	Met Glu Leu Leu Asn Arg Lys Tyr Pro Ser Ser Asn Asp Phe Gly	
	315 320 325	
	TCT GAG ATT ATT CCT TCA GCT GTA GGA GAG TCT AAT GTT CAG GCA	1233
15	Ser Glu Ile Ile Pro Ser Ala Val Gly Glu Ser Asn Val Gln Ala	
	330 335 340	
20		
	TAT CTA TTT AAT GAC TAC TGG GAG GAT ATC GGA ACC ATA AAG TCT	1278
	Tyr Leu Phe Asn Asp Tyr Trp Glu Asp Ile Gly Thr Ile Lys Ser	
25	345 350 355	
	TTC TTT GAT TCC AAT TTG GCC CTT ACA CAA CAG CCT CCC AAG TTT	1323
30	Phe Phe Asp Ser Asn Leu Ala Leu Thr Gln Gln Pro Pro Lys Phe	
	360 365 370	
	GAA TTC TAC GAT CCA AAA ACA CCT TTT TAT ACA TCT GCA AGA TTT	1368
35	Glu Phe Tyr Asp Pro Lys Thr Pro Phe Tyr Thr Ser Ala Arg Phe	
	375 380 385	
40		
	CTG CCT CCT ACA AAA GTC GAC AGG TGC AAG ATT GTC GAT TCC ATT	1413
	Leu Pro Pro Thr Lys Val Asp Arg Cys Lys Ile Val Asp Ser Ile	
45	390 395 400	
	GTA TCC CAT GGT TGT TTT CTA CAG GAG TCT AGC ATC CAA CAT TCC	1458
50	Val Ser His Gly Cys Phe Leu Gln Glu Ser Ser Ile Gln His Ser	
	405 410 415	
55		
	ATT GTT GGT GTT CGC TCA AGA TTA GAG TCC GGG GTT GAG TTC CAG	1503
	Ile Val Gly Val Arg Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Glu Phe Gln	
60	420 425 430	
65		

DE 43 17 596 A1

GAC ACC ATG ATG ATG GGC GCA GAT TAC TAT CAA ACT GAA TCA GAA 1548
 Asp Thr Met Met Met Gly Ala Asp Tyr Tyr Gln Thr Glu Ser Glu
 435 440 445

ATT GCT TCT CTG CTT GCT GAG GGA AAG GTT CCT GTT GGT GTC GGA 1593
 Ile Ala Ser Leu Leu Ala Glu Gly Lys Val Pro Val Gly Val Gly
 450 455 460

CAG AAT ACC AAA ATA AAG AAT TGC ATA ATT GAC AAG AAC GCC AAA 1638
 Gln Asn Thr Lys Ile Lys Asn Cys Ile Ile Asp Lys Asn Ala Lys
 465 470 475

ATT GGA AAA GAT GTG GTA ATC GCA AAC ACG GAT GGT GTT GAG GAA 1683
 Ile Gly Lys Asp Val Val Ile Ala Asn Thr Asp Gly Val Glu Glu
 480 485 490

GCA GAT AGA CCA AAT GAA GGC TTT TAC ATC AGG TCG GGC ATT ACC 1728
 Ala Asp Arg Pro Asn Glu Gly Phe Tyr Ile Arg Ser Gly Ile Thr
 495 500 505

ATC ATT TTG AAG AAC GCA ACC ATA CAA GAC GGT CTT GTG ATT TAG 1773
 Ile Ile Leu Lys Asn Ala Thr Ile Gln Asp Gly Leu Val Ile End
 510 515 520

ATTTAATCAT AACCTCATTA GAAAGAAATA ATTTTGCATG ATTTTCCTTTT 1823

CATGTAACCT AAACCTGGCTA AACCACGAGG TTTTCTCATC TGTATATATA 1873

ATATGTCTAT AACTATGGAT AATCTTAATA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1923

A 1924

Die kleine Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphatase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. Nr. 2):

DE 43 17 596 A1

	GG ATA ACT GTG CCA TCA ACC TCC TCA AAG AAC CTC CAA AAT AGC	0044
	Ile Thr Val Pro Ser Thr Ser Ser Lys Asn Leu Gln Asn Ser	
5	5 10	
	CTC GCA TTC TCC TCT TCT TCT CTC TCC GGC GAC AAA ATT CAA ACG	0089
10	Leu Ala Phe Ser Ser Ser Ser Leu Ser Gly Asp Lys Ile Gln Thr	
	15 20 25	
15	ACG TCA TTT CTC AAC CGC CGA TAT TGT AGA ATC TCT TCT AGA GCT	0134
	Thr Ser Phe Leu Asn Arg Arg Tyr Cys Arg Ile Ser Ser Arg Ala	
	30 35 40	
20	CCG ATT GTT GTC TCT CCC AAA GCT GTT TCT GAT TCT AAG AAT TCG	0179
	Pro Ile Val Val Ser Pro Lys Ala Val Ser Asp Ser Lys Asn Ser	
25	45 50 55	
	CAG ACT TGT CTT GAC CCT GAA GCC AGC CGT AGT GTT CTT GGT ATT	0224
30	Gln Thr Cys Leu Asp Pro Glu Ala Ser Arg Ser Val Leu Gly Ile	
	60 65 70	
35	ATA CTT GGA GGT GGT GCT GGT ACA CGT CTT TAC CCG TTG ACT AAG	0269
	Ile Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Tyr Pro Leu Thr Lys	
40	75 80 85	
	AAG AGA GCC AAA CCA GCC GTG CCA CTC GGT GCT AAT TAT AGG CTT	0314
45	Lys Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Leu	
	90 95 100	
50	ATT GAT ATC CCA GTG AGC AAT TGT TTG AAC AGT AAT ATT TCC AAA	0359
	Ile Asp Ile Pro Val Ser Asn Cys Leu Asn Ser Asn Ile Ser Lys	
	105 110 110	

55

60

65

DE 43 17 596 A1

ATA TAT GTT CTT ACA CAA TTC AAT TCT GCT TCT CTG AAT CGT CAT	0404	
Ile Tyr Val Leu Thr Gln Phe Asn Ser Ala Ser Leu Asn Arg His		
115 120 125		5
CTT TCG CGG GCA TAT GCT AGC AAC ATG GGA GGA TAC AAA AAT GAG	0449	
Leu Ser Arg Ala Tyr Ala Ser Asn Met Gly Gly Tyr Lys Asn Glu		10
130 135 140		
GGG TTT GTA GAA GTT CTT GCT GCT CAG CAA AGT CCA GAG AAT CCA	0494	15
Gly Phe Val Glu Val Leu Ala Ala Gln Gln Ser Pro Glu Asn Pro		
145 150 155		20
AAC TGG TTT CAG GGT ACA GCT GAT GCT GTT AGG CAA TAT CTG TGG	0539	
Asn Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala Val Arg Gln Tyr Leu Trp		25
160 165 170		
CTT TTC GAA GAG CAC AAT GTT CTT GAG TAC TTG ATT CTT GCT GGT	0584	
Leu Phe Glu Glu His Asn Val Leu Glu Tyr Leu Ile Leu Ala Gly		30
175 180 185		
GAC CAT TTG TAT CGA ATG GAT TAT GAA AGA TTT GTC CAA GCT CAC	0629	35
Asp His Leu Tyr Arg Met Asp Tyr Glu Arg Phe Val Gln Ala His		
190 195 200		40
AGA GAA ACT GAT GCA GAC ATT ACT GTT GCT GCA TTG CCA ATG GAT	0674	
Arg Glu Thr Asp Ala Asp Ile Thr Val Ala Ala Leu Pro Met Asp		45
205 210 215		
GAA AAG CGT GCT ACT GCA TTT GGT TTG ATG AAA ATT GAT GAA GAA	0719	
Glu Lys Arg Ala Thr Ala Phe Gly Leu Met Lys Ile Asp Glu Glu		50
220 225 230		
GGA AGA ATT ATT GAG TTT GCC GAG AAA CCG AAA GGA GAA CAA TTG	0764	55
Gly Arg Ile Ile Glu Phe Ala Glu Lys Pro Lys Gly Glu Gln Leu		
235 240 245		60

•

10

DE 43 17 596 A1

AAG AAC TGT AAG ATT CAT CAT TCT GTT ATC GGA CTT CGA TCT TGT	1214	
Lys Asn Cys Lys Ile His His Ser Val Ile Gly Leu Arg Ser Cys		
385 390 395		5
ATC TCG GAG GGT GCA ATC ATT GAG GAC ACA CTG TTG ATG GGA GCT	1259	
Ile Ser Glu Gly Ala Ile Ile Glu Asp Thr Leu Leu Met Gly Ala		10
400 405 410		
GAT TAT TAT GAG ACT GAT GCT GAT CGG AAA TTC CTG GCT GCT AAG	1304	15
Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Ala Asp Arg Lys Phe Leu Ala Ala Lys		
415 420 425		20
GGT AGT GTA CCT ATT GGA ATT GGG AAT GCA CGT ATT GGG GAT GAT	1349	
Gly Ser Val Pro Ile Gly Ile Gly Asn Ala Arg Ile Gly Asp Asp		25
430 435 440		
GTC AAG ATT ATC AAC AGT GAC AAT GTA CAA GAA GCA GCA AGA GAA	1394	
Val Lys Ile Ile Asn Ser Asp Asn Val Gln Glu Ala Ala Arg Glu		30
445 450 455		
ACA GAC GGA TAC TTC ATA AAG AGC GGA ATA GTC ACT ATA ATC AAG	1439	35
Thr Asp Gly Tyr Phe Ile Lys Ser Gly Ile Val Thr Ile Ile Lys		
460 465 470		40
GAC GCC ATG ATT CCA AGT GGA ACT GTA ATC TAG AAATGGAGCA	1482	
Asp Ala Met Ile Pro Ser Gly Thr Val Ile End		45
475 480 485		
TATAATAAAT ATCACTGCCT ATTTACAGTA CCTATCTGAG TCTCCACCA	1532	50
TGACCCTTTG ATTCAATCTT TTAGTTATGT AAATATTTTT GGCTTTTGCG	1582	
ATTTTGCCAT AAATTTGAAG AAGCGAGGAT TCAGGGACGA TAGTGCTATG	1632	55
AATTGGAAGA AAGGATTTGG GGGATATCTT TGTAAGACA TTTTGACTAC	1682	60
TGGGCACTAA AAATTTGGTA ATGCTATACC AAAATATATA AAAAGATCTT	1732	
GCTGGGTTTT GGTAACAAAAA AAAAAAAAAA A	1763	65

DE 43 17 596 A1

Die Saccharosephosphat-Synthase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID Nr. 3):

	GGGCTGCAGG GAAGCTCTGA ACTTCAAAA ATG GCG GGA AAT GAT	0044
5	Met Ala Gly Asn Asp	
		5
10	TGG ATA AAC AGT TAT TTA GAG GCA ATT CTG GAT GTG GGT CCA GGA	0089
	Trp Ile Asn Ser Tyr Leu Glu Ala Ile Leu Asp Val Gly Pro Gly	
	10 15 20	
15	CTT GAT GAT GCA AAA TCA TCT TTG CTT TTG AGA GAA AGA GGC AGG	0134
	Leu Asp Asp Ala Lys Ser Ser Leu Leu Leu Arg Glu Arg Gly Arg	
20	25 30 35	
25	TTT AGT CCT ACT CGT TAC TTT GTT GAA GAA GTT ATC ACT GGT TTT	0179
	Phe Ser Pro Thr Arg Tyr Phe Val Glu Glu Val Ile Thr Gly Phe	
	40 45 50	
30	GAT GAA ACC GAC CTT CAT CGT TCA TGG GTT CGG GCA CAA GCA ACA	0224
	Asp Glu Thr Asp Leu His Arg Ser Trp Val Arg Ala Gln Ala Thr	
35	55 60 65	
40	AGG AGT CCT CAA GAG AGG AAT ACT AGA TTG GAG AAC ATG TGT TGG	0269
	Arg Ser Pro Gln Glu Arg Asn Thr Arg Leu Glu Asn Met Cys Trp	
	70 75 80	
45	AGA ATT TGG AAT TTG GCT CGT CAG AAG AAG CAG CTT GAG AAT GAA	0314
	Arg Ile Trp Asn Leu Ala Arg Gln Lys Lys Gln Leu Glu Asn Glu	
	85 90 95	
50	GAA GCT CAG CGG AAG ACA AAA CGT CGT ATG GAG CTT GAG AGG GGT	0359
	Glu Ala Gln Arg Lys Thr Lys Arg Arg Met Glu Leu Glu Arg Gly	
55	100 105 110	
60		
65		

DE 43 17 596 A1

CGT CGA GAA GCA ACT GCT GAT ATG TCG GAG GAC TTA TCA GAA GGC	0404			
Arg Arg Glu Ala Thr Ala Asp Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Gly				
115	120	125		5
GAA AAG GAC ATT TCA GCT CAT GGT GAT AGC ACC CGT CCT AGA TTG	0449			
Glu Lys Asp Ile Ser Ala His Gly Asp Ser Thr Arg Pro Arg Leu				10
130	135	140		
CCA AGA ATA AAT TCT CTT GAT GCT ATG GAG ACA TGG ATT AGT CAA	0494			15
Pro Arg Ile Asn Ser Leu Asp Ala Met Glu Thr Trp Ile Ser Gln				
145	150	155		20
CAA AAG GAA AAA AAA CTC TAC CTT GTT TTG ATA AGT CTT CAT GGT	0539			
Gln Lys Glu Lys Lys Leu Tyr Leu Val Leu Ile Ser Leu His Gly				25
160	165	170		
TTG ATA CGA GGT GAA AAC ATG GAA CTT GGC CGT GAT TCT GAT ACT	0584			
Leu Ile Arg Gly Glu Asn Met Glu Leu Gly Arg Asp Ser Asp Thr				30
175	180	185		
GGT GGT CAG GTT AAG TAT GTG GTT GAG CTT GCA AGG GCT CTA GGT	0629			35
Gly Gly Gln Val Lys Tyr Val Val Glu Leu Ala Arg Ala Leu Gly				
190	195	200		40
TCG ATG CCA GGT GTT TAT AGA GTT GAT TTG CTA ACT AGG CAA GTT	0674			
Ser Met Pro Gly Val Tyr Arg Val Asp Leu Leu Thr Arg Gln Val				45
205	210	215		
TCA TCT CCT GAC GTG GAT TGG AGT TAT GGG GAG CCT ACT GAG ATG	0719			50
Ser Ser Pro Asp Val Asp Trp Ser Tyr Gly Glu Pro Thr Glu Met				
220	225	230		
CTG AAT CCA AGG GAT TCC AAT GGT TTT GAT GAT GAT GAT GAT GAA	0764			55
Leu Asn Pro Arg Asp Ser Asn Gly Phe Asp Asp Asp Asp Asp Glu				
235	240	245		60

65

DE 43 17 596 A1

	ATG	GGA	GAG	AGT	AGT	GGT	GCT	TAC	ATT	GTT	CGT	ATA	CCA	TTT	GGG	0809
	Met	Gly	Glu	Ser	Ser	Gly	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	Ile	Pro	Phe	Gly	
5						250				255					260	
	CCG	AGG	GAT	AAG	TAT	ATC	GCA	AAA	GAA	GAG	CTT	TGG	CCC	TAT	ATT	0854
10	Pro	Arg	Asp	Lys	Tyr	Ile	Ala	Lys	Glu	Glu	Leu	Trp	Pro	Tyr	Ile	
						265				270					275	
	CCT	GAA	TTT	GTT	GAT	GGT	GCT	CTA	AAC	CAC	ATA	GTT	CAA	ATG	TCC	0899
15	Pro	Glu	Phe	Val	Asp	Gly	Ala	Leu	Asn	His	Ile	Val	Gln	Met	Ser	
						280				285					290	
20																
	AAA	GTT	TTA	GGT	GAG	CAA	ATT	GGT	AGC	GGG	GAA	ACA	GTT	TGG	CCA	0944
25	Lys	Val	Leu	Gly	Glu	Gln	Ile	Gly	Ser	Gly	Glu	Thr	Val	Trp	Pro	
						295				300					305	
	GTT	GCC	ATT	CAT	GGA	CAT	TAT	GCT	GAT	GCT	GGT	GAT	TCT	GCT	GCT	0989
30	Val	Ala	Ile	His	Gly	His	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gly	Asp	Ser	Ala	Ala	
						310				315					320	
35																
	CTT	CTT	TCT	GGT	GGC	CTA	AAT	GTT	CCA	ATG	CTT	TTA	ACG	GGG	CAT	1034
40	Leu	Leu	Ser	Gly	Gly	Leu	Asn	Val	Pro	Met	Leu	Leu	Thr	Gly	His	
						325				330					335	
	TCT	CTT	GGC	CGA	GAC	AAG	TTA	GAG	CAG	CTC	CTC	AAA	CAG	GGT	CGA	1079
45	Ser	Leu	Gly	Arg	Asp	Lys	Leu	Glu	Gln	Leu	Leu	Lys	Gln	Gly	Arg	
						340				345					350	
	ATG	TCT	AAA	GAT	GAC	ATA	AAC	AAT	ACA	TAC	AAA	ATA	ATG	CGT	AGG	1124
50	Met	Ser	Lys	Asp	Asp	Ile	Asn	Asn	Thr	Tyr	Lys	Ile	Met	Arg	Arg	
						355				360					365	
55																
	ATA	GAA	GCC	GAA	GAG	TTA	TCA	CTT	GAT	GCC	TCT	GAG	ATA	GTC	ATA	1169
60	Ile	Glu	Ala	Glu	Glu	Leu	Ser	Leu	Asp	Ala	Ser	Glu	Ile	Val	Ile	
						370				375					380	
65																

DE 43 17 596 A1

ACT AGT ACA AGA CAA GAA ATA GAA GAG CAA TGG CAC CTC TAT GAT	1214	
Thr Ser Thr Arg Gln Glu Ile Glu Glu Gln Trp His Leu Tyr Asp		
385 390 395		5
GGG TTT GAT CCT GTG CTA GAA CGT AAA CTC CGT GCT AGG ATG AAG	1259	
Gly Phe Asp Pro Val Leu Glu Arg Lys Leu Arg Ala Arg Met Lys		10
400 405 410		
CGT GGT GTA AGC TGT TAT GGA AGG TTC ATG CCC CGG ATG GTT GTT	1304	15
Arg Gly Val Ser Cys Tyr Gly Arg Phe Met Pro Arg Met Val Val		
415 420 425		20
ATT CCT CCT GGA ATG GAA TTC AAT CAT ATT GTT CCA CAT GAG GGT	1349	
Ile Pro Pro Gly Met Glu Phe Asn His Ile Val Pro His Glu Gly		25
430 435 440		
GAT ATG GAT GGT GAA ACA GAA GAA ACT GAA GAG CAT CCT ACA TCA	1394	
Asp Met Asp Gly Glu Thr Glu Glu Thr Glu Glu His Pro Thr Ser		30
445 450 455		
CCT GAT CCA CCT ATC TGG GCT GAG ATT ATG CGC TTC TTT TCT AAA	1439	35
Pro Asp Pro Pro Ile Trp Ala Glu Ile Met Arg Phe Phe Ser Lys		
460 465 470		40
CCA AGG AAG CCA ATG ATA CTT GCC CTT GCT AGG CCT GAC CCG AAG	1484	
Pro Arg Lys Pro Met Ile Leu Ala Leu Ala Arg Pro Asp Pro Lys		45
475 480 485		
AAG AAT ATC ACG ACT TTG GTC AAA GCA TTT GGA GAA TGC CGT CCA	1529	50
Lys Asn Ile Thr Thr Leu Val Lys Ala Phe Gly Glu Cys Arg Pro		
490 495 500		
CTA AGG GAG CTA GCT AAT CTT ACT CTT ATA ATG GGT AAC CGA GAT	1574	55
Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Thr Leu Ile Met Gly Asn Arg Asp		
505 510 515		60
		65

DE 43 17 596 A1

	GGT ATT GAC GAG ATG TCA AGC ACC AGT TCT TCA GTT CTC CTG TCA	1619
	Gly Ile Asp Glu Met Ser Ser Thr Ser Ser Ser Val Leu Leu Ser	
5	520 525 530	
	GTG CTT AAG CTA ATT GAT CAA TAC GAC CTT TAT GGT CAA GTA GCA	1664
10	Val Leu Lys Leu Ile Asp Gln Tyr Asp Leu Tyr Gly Gln Val Ala	
	535 540 545	
	TAC CCC AAA CAT CAC AAG CAA GCT GAT GTT CCT GAG ATT TAT CGT	1709
15	Tyr Pro Lys His His Lys Gln Ala Asp Val Pro Glu Ile Tyr Arg	
	550 555 600	
20		
	TTG GCA GCA AAG ACA AAG GGA GTC TTT ATT AAT CCA GCT TTT ATT	1754
	Leu Ala Ala Lys Thr Lys Gly Val Phe Ile Asn Pro Ala Phe Ile	
25	605 610 615	
	GAG CCA TTT GGG CTG ACT CTA ATA GAG GCA GCA GCT CAT GGT TTA	1799
30	Glu Pro Phe Gly Leu Thr Leu Ile Glu Ala Ala Ala His Gly Leu	
	620 625 630	
	CCG ATG GTT GCT ACG AAA AAT GGA GGC CCT GTT GAT ATC CAG AGG	1844
35	Pro Met Val Ala Thr Lys Asn Gly Gly Pro Val Asp Ile Gln Arg	
	635 640 645	
40		
	GTC CTT GAT AAT GGT CTT CTT GTG GAT CCT CAT GAG CAG CAG TCT	1889
45	Val Leu Asp Asn Gly Leu Leu Val Asp Pro His Glu Gln Gln Ser	
	650 655 660	
	ATT GCT ACT GCT TTG CTG AAG CTT GTT GCT GAT AAG CAA CTA TGG	1934
50	Ile Ala Thr Ala Leu Leu Lys Leu Val Ala Asp Lys Gln Leu Trp	
	665 670 675	
55		
	ACA AAA TGC CAG CAA AAT GGA CTG AAA AAT ATT CAT CTC TAC TCT	1979
	Thr Lys Cys Gln Gln Asn Gly Leu Lys Asn Ile His Leu Tyr Ser	
60	680 685 690	
65		

DE 43 17 596 A1

TGG CCA GAG CAT TCG AAG ACA TAC CTA TCT CGA ATA GCC AGT TCG	2024	
Trp Pro Glu His Ser Lys Thr Tyr Leu Ser Arg Ile Ala Ser Ser		
695 700 705		5
AGA CAA AGG CAA CCA CAG TGG CAA AGA AGT AGT GAT GAA GGG CTT	2069	
Arg Gln Arg Gln Pro Gln Trp Gln Arg Ser Ser Asp Glu Gly Leu		
710 715 720		10
GAC AAT CAA GAG CCT GAA TCT CCA AGT GAT TCT TTA AGA GAT ATA	2114	
Asp Asn Gln Glu Pro Glu Ser Pro Ser Asp Ser Leu Arg Asp Ile		
725 730 735		15
AAG GAT ATA TCT CTA AAC CTT GAA GTT CTC GTT AGA CCG GAG AAA	2159	
Lys Asp Ile Ser Leu Asn Leu Glu Val Leu Val Arg Pro Glu Lys		
740 745 750		20
AGG GTG AAG ACG TTG AAA ATC TTG GGA TTG ATG ACA AAA GCA AAT	2204	
Arg Val Lys Thr Leu Lys Ile Leu Gly Leu Met Thr Lys Ala Asn		
755 760 765		25
TCG AGA ATG CTG TTA TGT TCA TGG TCT AAT GGT GTC CAT AAG ATG	2249	
Ser Arg Met Leu Leu Cys Ser Trp Ser Asn Gly Val His Lys Met		
770 775 780		30
CTT CGG AAG GCT CGG TTC TCT GAC AAA GTA GAT CAG GCT TCT AGT	2294	
Leu Arg Lys Ala Arg Phe Ser Asp Lys Val Asp Gln Ala Ser Ser		
785 790 795		35
AAA TAT CCA GCA TTT AGG AGG AGA AAA CTT ATA TAT GTT ATT GCT	2339	
Lys Tyr Pro Ala Phe Arg Arg Arg Lys Leu Ile Tyr Val Ile Ala		
800 805 810		40
GTA GAC GGG GAT TAT GAA GAT GGA CTT TTT GAT ATT GTT CGG AGG	2384	
Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Gly Leu Phe Asp Ile Val Arg Arg		
815 820 825		45

DE 43 17 596 A1

	ATA TTT GAT GCT GCT GGC AAG GAG AAG ATT GAA GGT TCC ATC GGG	2429
	Ile Phe Asp Ala Ala Gly Lys Glu Lys Ile Glu Gly Ser Ile Gly	
5	830 835 840	
	TTT ATA TTG TCA ACA TCC TAT TCT ATG CCC GAA ATT CAG AAC TAT	2474
10	Phe Ile Leu Ser Thr Ser Tyr Ser Met Pro Glu Ile Gln Asn Tyr	
	845 850 855	
	TTG CTA TCA AAA GGC TTC AAT CTT CAT GAT TTT GAT GCA TAT ATA	2519
15	Leu Leu Ser Lys Gly Phe Asn Leu His Asp Phe Asp Ala Tyr Ile	
	860 865 870	
20		
	TGC AAC AGT GGG AGT GAG TTG TAC TAT TCA TCT TTG AAC TCA GAG	2564
	Cys Asn Ser Gly Ser Glu Leu Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Ser Glu	
25	875 880 885	
	GAG AGT AAT ATT ATA GCA GAT TCA GAT TAC CAT TCA CAC ATA GAG	2609
30	Glu Ser Asn Ile Ile Ala Asp Ser Asp Tyr His Ser His Ile Glu	
	890 895 900	
	TAC AGA TGG GGT GGA GAA GGC CTT AGA AGG ACT TTG CTT CGC TGG	2654
35	Tyr Arg Trp Gly Gly Glu Gly Leu Arg Arg Thr Leu Leu Arg Trp	
	905 910 915	
40		
	GCA GCT TCC ATC ACA GAA AAA AAT GGT GAA AAC GAA GAA CAG GTT	2699
	Ala Ala Ser Ile Thr Glu Lys Asn Gly Glu Asn Glu Glu Gln Val	
45	920 925 930	
	ATT ACT GAA GAT GAA GAA GTT TCT ACG GGT TAT TGC TTT GCG TTT	2744
50	Ile Thr Glu Asp Glu Glu Val Ser Thr Gly Tyr Cys Phe Ala Phe	
	935 940 945	
	AAA ATA AAG AAC CAA AAT AAG GTT CCC CCT ACG AAG GAG CTC CGC	2789
55	Lys Ile Lys Asn Gln Asn Lys Val Pro Pro Thr Lys Glu Leu Arg	
	950 955 960	
60		
65		

DE 43 17 596 A1

AAG TCA ATG AGG ATT CAA GCT CTT CGT TGC CAT GTG ATT TAC TGT	2834	
Lys Ser Met Arg Ile Gln Ala Leu Arg Cys His Val Ile Tyr Cys		
965 970 975		5
CAG AAC GGA TCT AAA ATG AAT GTG ATT CCA GTA CTA GCA TCC CGT	2879	
Gln Asn Gly Ser Lys Met Asn Val Ile Pro Val Leu Ala Ser Arg		10
980 985 990		
TCT CAA GCC CTC AGG TAT CTT TAT GTT CGT TGG GGA GTT GAG TTG	2924	15
Ser Gln Ala Leu Arg Tyr Leu Tyr Val Arg Trp Gly Val Glu Leu		
995 1000 1005		20
TCG AAG ATG GTT GTC TTT GTT GGA GAA TGT GGT GAC ACA GAT TAT	2969	
Ser Lys Met Val Val Phe Val Gly Glu Cys Gly Asp Thr Asp Tyr		25
1010 1015 1020		
GAA GGC TTG CTT GGC GGG GTC CAT AAA ACC GTA ATA CTG AAG GGA	3014	
Glu Gly Leu Leu Gly Gly Val His Lys Thr Val Ile Leu Lys Gly		30
1025 1030 1035		
GTC TCC AAC ACT GCT TTA AGG TCT CTC CAT GCC AAC AGA AGT TAC	3059	35
Val Ser Asn Thr Ala Leu Arg Ser Leu His Ala Asn Arg Ser Tyr		
1040 1045 1050		40
CCT CTT TCA CAT GTC GTG TCG CTT GAC AGC CCC AAT ATT GGC GAG	3104	
Pro Leu Ser His Val Val Ser Leu Asp Ser Pro Asn Ile Gly Glu		45
1055 1060 1065		
GTG AGC AAA GGG TGC AGC AGC TCC GAG ATC CAG TCC ATC GTC ACA	3149	50
Val Ser Lys Gly Cys Ser Ser Ser Glu Ile Gln Ser Ile Val Thr		
1070 1075 1080		
AAA CTC TCC AAA GCT TAA TCAGATATCT GCTGCTTTCT TTTGGGTAAG	3197	55
Lys Leu Ser Lys Ala End		
1085		60
		65

DE 43 17 596 A1

	CAAGGTTTCA TCTTATATGA TTATATCATA AGATACTATA TAAGCACCTT	3247
5	ATTGGTAAGT CAGTCCCATA ATAATAATGT ACTTCAGAAC CACAATACTT	3297
	AAAAGTTGGT TCAGTAGTGA TTAGTCTCAT AATAATCATA TAATTACACA	3347
10	TCCGCTGTTA ACTAGTGGTA ATATCTAAGC TCAACAATAA AGATGTAAAA	3397
15	TGCTAGTATG GAAATGAATT GCTAGCTGTT GATCTCTTTC CCTTTATTCT	3447
	GTATTATTTTCT TTTCCTCATC TCATGTAAAA ACAATTTTCT GAAGGTGTAC	3497
20	AGTTTTTTTCC CCTTATATAT CTGTATTATT TCTACTATTT TTTGTTTGTA	3547
25	AGAATATCCT CTCATCGAGG AGTGATAATT AAATAACCGG CTTGCTAAAT	3597
	ATAAAGCTTA TTCGAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA	3635

Die Saccharose-Synthase hat die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID Nr. 4):

35	CT GCA GGA GGG AAA CAA ATT CTT AGC GAT GGC CCG TTT AGC GAA	0044
	Ala Gly Gly Lys Gln Ile Leu Ser Asp Gly Pro Phe Ser Glu	
	5 10	
40	GTT CTT AGG TCT GCT CAG GAA GCA ATA GTT GTT CCT CCC TTT GTT	0089
	Val Leu Arg Ser Ala Gln Glu Ala Ile Val Val Pro Pro Phe Val	
45	15 20 25	
	GCT ATA GCA GTC CGT CCA AGA CCT GGA GTT TGG GAA TAT GTT CGT	0134
50	Ala Ile Ala Val Arg Pro Arg Pro Gly Val Trp Glu Tyr Val Arg	
	30 35 40	
55	GTT AAT GTC TCT GAA CTG AAT GTG GAG CAG CTA ACT GTG TCT GAG	0179
	Val Asn Val Ser Glu Leu Asn Val Glu Gln Leu Thr Val Ser Glu	
	45 50 55	

DE 43 17 596 A1

TAT CTC CAT TTC AAG GAA GAA CTT GTG GAT GGA AAG GCT GAT GAC	0224	
Tyr Leu His Phe Lys Glu Glu Leu Val Asp Gly Lys Ala Asp Asp		
60 65 70		5
CAC TAT GTG CTT GAG CTT GAT TTC GAG CCT TTT AAT GAA TCA GTT	0269	
His Tyr Val Leu Glu Leu Asp Phe Glu Pro Phe Asn Glu Ser Val		10
75 80 85		
CCA CGT CCA ACT CGC TCT TCA TCA ATT GGT AAT GGT GTT CAG TTC	0314	15
Pro Arg Pro Thr Arg Ser Ser Ser Ile Gly Asn Gly Val Gln Phe		
90 95 100		20
CTC AAT CGG CAC CTG TCA TCA AGC ATG TTC TGC AAC AAA GAT TGC	0359	
Leu Asn Arg His Leu Ser Ser Ser Met Phe Cys Asn Lys Asp Cys		25
105 110 115		
TTG GAG CCG TTA CTT GAT TTT CTT AGA GTG CAC AAA CAT AAA GGA	0404	
Leu Glu Pro Leu Leu Asp Phe Leu Arg Val His Lys His Lys Gly		30
120 125 130		
GTT GTC ATG ATG TTG AAT GAT CGG ATA CAG ACT ATC CAG CGT CTT	0449	35
Val Val Met Met Leu Asn Asp Arg Ile Gln Thr Ile Gln Arg Leu		
135 140 145		40
CAG TCT GCA TTG TCT AAA GCT GAG GAT TAT CTT ATC AAA CTT CCA	0494	
Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Leu Ile Lys Leu Pro		45
150 155 160		
GCA GAT ACA CCT TAC TCT GAG TTC GAA TTT GTA ATC CAA GGT ATG	0539	50
Ala Asp Thr Pro Tyr Ser Glu Phe Glu Phe Val Ile Gln Gly Met		
165 170 175		
GGT TTT GAA AGA GGC TGG GGT GAT ACT GCT GAA AGG GTT CTA GAA	0584	55
Gly Phe Glu Arg Gly Trp Gly Asp Thr Ala Glu Arg Val Leu Glu		
180 185 190		60

22

DE 43 17 596 A1

CCT TAT TTA GAG ACC TTC ACT GAG GAT GCA GCT GGT GAA ATT ATT	1034	
Pro Tyr Leu Glu Thr Phe Thr Glu Asp Ala Ala Gly Glu Ile Ile		
330 335 340		5
GGC GAG TTG CAG GGT CGT CCA GAT CTG ATA ATT GGC AAC TAC AGC	1079	
Gly Glu Leu Gln Gly Arg Pro Asp Leu Ile Ile Gly Asn Tyr Ser		10
345 350 355		
GAT GGG AAT ATA GTT GCT TCT TTA TTG TCC CAC AAA ATG GGT GTC	1124	15
Asp Gly Asn Ile Val Ala Ser Leu Leu Ser His Lys Met Gly Val		
360 365 370		20
ACC CAG TGC AAT ATA GCC CAT GCA TTG GAG AAA ACC AAG TAT CCA	1169	
Thr Gln Cys Asn Ile Ala His Ala Leu Glu Lys Thr Lys Tyr Pro		25
375 380 385		
GAT TCT GAT ATT TAC TGG AAA AGA TTT GAG GAC AAA TAT CAC TTC	1214	30
Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Lys Arg Phe Glu Asp Lys Tyr His Phe		
390 395 400		
TCG TGT CAA TTT TCA GCT GAC TTG ATG GCA ATG AAT CAT GCT GAT	1259	35
Ser Cys Gln Phe Ser Ala Asp Leu Met Ala Met Asn His Ala Asp		
405 410 415		40
TTC ATC ATT ACG AGT ACT TAC CAA GAG ATA GCT GGA ACG AAG AAT	1304	
Phe Ile Ile Thr Ser Thr Tyr Gln Glu Ile Ala Gly Thr Lys Asn		45
420 425 430		
ACT GTT GGT CAA TAT GAA AGC CAT AAG GCC TTT ACT TTT CCG GGG	1349	50
Thr Val Gly Gln Tyr Glu Ser His Lys Ala Phe Thr Phe Pro Gly		
435 440 445		
CTG TAT CGG GTG GTT CAC GGG ATT GAT GTC TTT GAT CCC AAG TTT	1394	55
Leu Tyr Arg Val Val His Gly Ile Asp Val Phe Asp Pro Lys Phe		
450 455 460		60

DE 43 17 596 A1

65

DE 43 17 596 A1

GGT GAA CTC TAT CGC TAC ATT TGT GAC AAA GGA GGT ATT TTT GCG	1844	
Gly Glu Leu Tyr Arg Tyr Ile Cys Asp Lys Gly Gly Ile Phe Ala		
600 605 610		5
CAG CCT GCA TTT TAT GAA GCA TTT GGG CTT ACA GTT GTT GAA GCC	1889	
Gln Pro Ala Phe Tyr Glu Ala Phe Gly Leu Thr Val Val Glu Ala		10
615 620 625		
ATG ACC TGT GGT CTT CCC ACA TTT GCT ACC TGC CAC GGT GGT CCA	1934	15
Met Thr Cys Gly Leu Pro Thr Phe Ala Thr Cys His Gly Gly Pro		
630 635 640		20
GCT GAG ATT ATA GAA GAC GGT GTT TCA GGA TTT CAT ATC GAT CCA	1979	
Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Val Ser Gly Phe His Ile Asp Pro		25
645 650 655		
TAT CAT GCT GAT CAG GCA GAA AAA ATG ACT GAA TTC TTT GTC AAG	2024	
Tyr His Ala Asp Gln Ala Glu Lys Met Thr Glu Phe Phe Val Lys		30
660 665 670		
TGC AGA GAG GAT CCA AAC TAC TGG ACT AAA ATC TCT GCA GGA GGG	2069	35
Cys Arg Glu Asp Pro Asn Tyr Trp Thr Lys Ile Ser Ala Gly Gly		
675 680 685		40
TTA CTA AGG ATC AAA GAA AGA TAT ACC TGG CAA AAG TAT TCT GAA	2114	
Leu Leu Arg Ile Lys Glu Arg Tyr Thr Trp Gln Lys Tyr Ser Glu		45
690 695 700		
AGG TTA ATG ACA TTG GCA GGG GTG TAT GGT TTC TGG AAA TAT GTC	2159	50
Arg Leu Met Thr Leu Ala Gly Val Tyr Gly Phe Trp Lys Tyr Val		
705 710 715		
TCT AAA CTA GAG AGA AGA GAG ACA CGA CGT TAT CTT GAG ATG TTC	2204	55
Ser Lys Leu Glu Arg Arg Glu Thr Arg Arg Tyr Leu Glu Met Phe		
720 725 730		60

	TAC ATT TTG AAG TTC CGT GAT CTG GCC AAC TCT GTT CCG CTG GCA	2249
	Tyr Ile Leu Lys Phe Arg Asp Leu Ala Asn Ser Val Pro Leu Ala	
5	735 740 745	
	ACA GAT GAA GAG CCT TCT ACT ACT GAT GCA GTT GCG ACA TTC CGT	2294
10	Thr Asp Glu Glu Pro Ser Thr Thr Asp Ala Val Ala Thr Phe Arg	
	750 755 760	
15	GGA CCT TGA ACGCTGCTGC TTACTGAGGT TCCAAGTTGT GTATATATTA	2343
	Gly Pro End	
20	CTGTGAAAGG AATAAGTGTA GCTACACAAA AGGTTCTCAA CTATTAGTAT	2393
	CTTCTCTGTG TAAATAACGA GAGTGAAAAA TGTAATATTG TTGATGTCTT	2443
25		
	GAAAACTGAG TTTGCTTTGT TTATTTTAA GTGTATGACA ATATGTATCA	2493
30	TATAACGGAT TCTTCAGTGA TCATATCAAA AACTACTGAC CATCGAAGTT	2543
	AATGAAAATC GACAGCAACA	2563
35		

Diese Sequenzen können in einem geeigneten Plasmid auch untereinander kombiniert werden, was zu einer Kombination der einzelnen, durch die Expression der Proteine bedingten Merkmale in der Pflanze führt.

Der Promotor soll sicherstellen, daß das fremde Gen in der Pflanze exprimiert wird. Der Promotor kann dabei so gewählt sein, daß die Expression nur in einem bestimmten Gewebe, zu einem bestimmten Zeitpunkt der Pflanzenentwicklung oder zu einem durch äußere Einflüsse determinierten Zeitpunkt erfolgt. Der Promotor kann homolog oder heterolog in Bezug auf die Pflanze sein. Sinnvoll ist die Verwendung von Promotoren wie z. B. des Promotors der 35S RNA des Cauliflower-Mosaik Virus, des Patatin-Promotors B33 (Rocha-Sosa et al. (1989) EMBO J 8 : 23—29) oder eines Promotors, der eine Expression lediglich in photosynthetisch aktiven Geweben sicherstellt. Weiterhin können Promotoren verwendet werden, die eine Expression lediglich in bestimmten Organen wie Wurzel, Rübe, Knolle, Samen, Stamm oder bestimmten Zelltypen wie Mesophyll, Epidermis, Geleitzellen u.ä. sicherstellen.

Die hier beschriebenen kodierenden Sequenzen enthalten die vollständige Information zur Bildung einer Boten-Ribonukleinsäure (mRNA) für die die große Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase und der Saccharosephosphat-Synthase (SPS) und einen Teil der Information zur Bildung der kleinen Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase sowie der Saccharosesynthase, die zur Bildung von anti-sense Ribonukleinsäuren zu den entsprechenden Genen geeignet sind. Ob eine translatierbare Boten-Ribonukleinsäure oder eine anti-sense Nukleinsäure gebildet wird, hängt von der Orientierung der kodierenden Sequenz bezogen auf den Promotor ab. Wenn das 3' Ende der kodierenden Sequenz an das 3' Ende des Promotors fusioniert wird, entsteht eine anti-sense RNA, bei Fusion des 5' Endes der Kodierregion an das 3' Ende des Promotors entsteht eine translatierbare RNA. Letzteres führt zu einer Steigerung der Enzymaktivität in der Zelle, ersteres zu einer Absenkung der Enzymaktivität in der Zelle.

Die kodierenden Sequenzen für die große und kleine Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, der Saccharosephosphat-Synthase und der Saccharosesynthase können denjenigen entsprechen, die in dieser Erfindung beschrieben werden, oder durch Veränderungen aus den beschriebenen Sequenzen hervorgehen. Dabei ist insbesondere an Veränderungen der Sequenzen zu denken, die zu einer Umgehung der pflanzeigenen Regulationsmechanismen führen. Veränderungen an den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen lassen sich mittels bekannter Methoden, wie z. B. Basenaustausch oder zielgerichtete oder nicht-zielgerichtete Mutagenese bewirken. Die so gebildeten Derivate der erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung. Die Terminationssequenz dient der korrekten Beendigung der Transkription und der Anheftung eines Poly-Adenylrestes an die Ribonukleinsäure. Dieser Poly-Adenylrest hat eine wichtige Funktion bei der Stabilisierung von RNA-Molekülen in der Zelle.

Mit Plasmiden, die eine oder mehrere der erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen enthalten, können Zuckerrü-

ben transformiert werden mit dem Ziel der Erhöhung bzw. Verringerung der Enzymaktivität bzw. der Veränderung der Saccharose-Konzentration.

Zur Vorbereitung der Einführung der erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen in Zuckerrüben sind eine große Anzahl Klonierungsvektoren verfügbar, die ein Replikationssignal für *E. coli* und einen Marker beinhalten, der eine Selektion der transformierten Zellen erlaubt.

Je nach Einführungsmethode gewünschter Gene in die Pflanze können weitere DNA-Sequenzen erforderlich sein. Werden z. B. für die Transformation der Pflanzenzelle das Ti- oder Ri-Plasmid verwendet, so muß mindestens die rechte Begrenzung, häufig jedoch die rechte und die linke Begrenzung der Ti- und Ri-Plasmid T-DNA, als Flankenbereich den einzuführenden Genen angefügt werden. Die Verwendung von T-DNA für die Transformation von Pflanzenzellen ist intensiv untersucht und ausreichend in EP 120 516; Hoekama, In: The Binary Plant Vektor System, Offset-drukkerij Kanters B.V. Alblasserdam, (1985), Chapter V; Fraley, et al., Crit. Rev. Plant Sci., 4 : 1—46 und An et al. (1985) EMBO J. 4 : 277—287 beschrieben worden. Ist die eingeführte DNA einmal im Genom integriert, so ist sie dort in der Regel stabil und bleibt auch in den Nachkommen der ursprünglich transformierten Zelle erhalten. Sie enthält normalerweise einen Selektionsmarker, der den transformierten Pflanzenzellen Resistenz gegenüber einem Biozid oder einem Antibiotikum wie Kanamycin, G 418, Bleomycin oder Hygromycin u. a. vermittelt. Der individuell verwendete Marker sollte daher die Selektion transformierter Zellen gegenüber Zellen, denen die eingefügte DNA fehlt, gestatten.

Für die Einführung von DNA in eine Pflanze stehen neben der Transformation mit Hilfe von Agrobakterien viele andere Techniken zur Verfügung. Diese Techniken umfassen die Fusion von Protoplasten, die Mikroinjektion von DNA, die Elektroporation sowie ballistische Methoden und Virusinfektion. Aus dem transformierten Pflanzenmaterial können dann in einem geeigneten Medium, welches Antibiotika oder Biozide zur Selektion enthalten kann, wieder ganze Pflanzen regeneriert werden. Die so erhaltenen Pflanzen können dann auf Anwesenheit der eingeführten DNA getestet werden. Bei der Injektion und Elektroporation sind an sich keine speziellen Anforderungen an die Plasmide gestellt. Es können einfache Plasmide wie z. B. pUC-Derivate verwendet werden. Sollen aber aus derartig transformierten Zellen ganze Pflanzen regeneriert werden, ist die Anwesenheit eines selektierbaren Markergens notwendig. Die transformierten Zellen wachsen innerhalb der Pflanzen in der üblichen Weise (siehe auch McCormick et al. (1986) Plant Cell Reports 5 : 81—84). Die Pflanzen können normal angezogen werden und mit Pflanzen, die die gleiche transformierte Erbanlage oder andere Erbanlagen besitzen, gekreuzt werden. Die daraus entstehenden hybriden Individuen haben die entsprechenden phänotypischen Eigenschaften.

Zum besseren Verständnis der dieser Erfindung zugrundeliegenden Ausführungsbeispiele wird vorab eine Aufstellung aller für diese Versuche notwendigen und an sich bekannten Verfahren gegeben:

1. Klonierungsverfahren

Zur Klonierung wurden die Vektoren pUC 18/19 und M13mp10 Serien (Yanisch-Perron et al. (1985) Gene 33 : 103—119) verwendet, sowie der Vektor EMBL 3 (Frischauf et al. (1983) J Mol Biol 170 : 827—842).

Für die Pflanzentransformation wurden die Genkonstruktionen in den binären Vektor BIN 19 (Bevan (1984) Nucl. Acids Res 12 : 8711—8720) kloniert.

2. Bakterienstämme

Für die pUC- und M13mp-Vektoren wurden die *E. coli*-Stämme BMH71-18 (Messing et al. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci 24 : 6342—6346) oder TB1 benutzt.

Für den Vektor BIN 19 wurde ausschließlich der *E. coli*-Stamm TB1 benutzt. TB1 ist ein rekombinationsnegatives, Tetracyclin-resistentes Derivat des Stammes JM101 (Yanisch-Perron et al. (1985) Gene 33 : 103—119). Der Genotyp des TB1-Stammes ist (Bart Barrel, persönliche Mitteilung): F'(traD36, proAB, LacI, LacZA M15), Δ(lac, pro), SupE, thiS, recA, Sr1::Tn10(TcR).

Die Transformation der Plasmide in die Kartoffelpflanze wurde mit Hilfe des Agrobacterium tumefaciens-Stammes LBA4404 (Bevan (1984) Nucl. Acids Res 12 : 8711—8720) durchgeführt.

3. Transformation von Agrobacterium tumefaciens

Bei BIN 19 Derivaten erfolgt der Transfer der DNA in die Agrobakterien durch direkte Transformation nach der Methode von Holsters et al. (1978) (Mol Gen Genet 163 : 181—187). Die Plasmid-DNA transformierter Agrobakterien wurde nach der Methode von Birnboim & Doly (1979) (Nucl Acids Res 7 : 1513—1523) isoliert und nach geeigneter Restriktionsspaltung gelelektrophoretisch analysiert.

4. Saccharosephosphat-Synthase-Aktivitätstest

Die Saccharosephosphat-Synthase-Aktivität wurde nach Siegel und Stitt (1990, Plant Scienc 66 : 205—210) in einer zweistufigen Analyse bestimmt. Zu einem Volumen von 180 µl einer Lösung von 50 mM HEPES/KOH (pH 7,4), 5 mM MgCl₂, 5 mM Fruktose-6-phosphat, 25 mM Glukose-6-phosphat und 6 mM Uridin-5'-diphosphoglucose werden 20 µl Probe gegeben und für 10 Minuten bei 25°C inkubiert. Für 3 Minuten wird auf 95°C erhitzt, um die Reaktion zu beenden. Nach Zentrifugation wird der Überstand spektroskopisch bezüglich der Freisetzung von Uridin-5'-diphosphat analysiert, wobei eine mit Pyruvat-Kinase gekoppelte Enzymreaktion ausgenutzt wird. Ansätze ohne Hexosephosphat sowie die Messung der Rückgewinnung zugesetzten Uridin-5'-diphosphats dienen als Kontrollen.

Ausführungsbeispiele

Ausführungsbeispiel 1

5 Klonierung von cDNA zu großer und kleiner Untereinheit der ADP-Glucose-Pyrophosphorylase aus Zuckerrübe

Aus Speicherwurzeln von im Gewächshaus gewachsenen 3–4 Monate alten Zuckerrübenpflanzen wurde RNA nach der Methode von Logemann et al. (1987, Anal Biochem 163, 16–20) isoliert. Ausgehend von poly-A + -RNA wurde eine cDNA-Bibliothek nach der Methode von Gubler und Hoffmann (1983, Gene 25, 263) im Expressionsvektor Lambda Zap II XR angelegt. Hierzu wurde ein mit einer XhoI-Erkennungsstelle versehener Oligo-dT-Primer verwendet, zur Synthese des ersten cDNA-Stranges wurden methylierte Cytidinnukleotide eingesetzt. Nach Synthese des zweiten Strangs wurde ein EcoRI-Adapter angefügt und auf einer Seite durch Schnitt mit der Restriktionsendonuklease XhoI wieder entfernt. Dabei verhindert die Hemimethylierung der cDNA, daß an internen XhoI Erkennungsstellen geschnitten wird. Durch diese Vorgehensweise entsteht eine Population von cDNA-Molekülen, die in EcoRI/XhoI geschnittene DNA des Phagen Lambda gerichtet kloniert werden können. Nach dem Verpacken rekombinanter Phagen-DNA in Phagenköpfe wurden 200 000 "Plaque forming units" der Bank zur Infektion eines Bakterienrasens ausplattiert und anschließend jeweils mit dem gesamten cDNA Fragment der großen bzw. der kleinen Untereinheit der AGPase von Kartoffel (Müller-Roeber et al., 1990, MGG 224, 136–146) als EcoRI-Fragment sondiert. Die den Hybridisierungssignalen entsprechenden rekombinanten Phagen wurden vereinzelt. Durch in vivo Excision wurden Plasmide aus dem Lambda zap-Genom ausgeschnitten, die eine doppelsträngige cDNA als Insertion tragen. Die Plasmide wurden in Bakterienzellen transformiert. Anschließend wurde die Plasmid-DNA in den Bakterien vermehrt. Nach Überprüfung der Größe der Insertionen wurden einzelne Klone durch Bestimmung der Primärsequenz analysiert.

Ausführungsbeispiel 2

Klonierung von cDNA zu Saccharosephosphat-Synthase (SPS) aus Zuckerrübe

Aus Speicherwurzeln von im Gewächshaus gewachsenen 3 – 4 Monate alten Zuckerrübenpflanzen wurde RNA nach der Methode von Logemann et al. (1987, Anal Biochem 163, 16–20) isoliert. Ausgehend von poly-A + -RNA wurde eine cDNA-Bibliothek nach der Methode von Gubler und Hoffmann (1983, Gene 25, 263) im Expressionsvektor Lambda Zap II XR angelegt. Hierzu wurde ein mit einer XhoI-Erkennungsstelle versehener Oligo-dT-Primer verwendet, zur Synthese des ersten cDNA-Stranges wurden methylierte Cytidinnukleotide eingesetzt. Nach Synthese des zweiten Strangs wurde ein EcoRI-Adapter angefügt und auf einer Seite durch Schnitt mit der Restriktionsendonuklease XhoI wieder entfernt. Dabei verhindert die Hemimethylierung der cDNA, daß an internen XhoI Erkennungsstellen geschnitten wird. Durch diese Vorgehensweise entsteht eine Population von cDNA-Molekülen, die in EcoRI/XhoI geschnittene DNA des Phagen Lambda gerichtet kloniert werden können. Nach dem Verpacken rekombinanter Phagen-DNA in Phagenköpfe wurden 200 000 "Plaque forming units" der Bank zur Infektion eines Bakterienrasens ausplattiert und anschließend mit dem gesamten cDNA Fragment der Saccharosephosphat-Synthase (SPS) aus Spinat (Sonnewald, 1992, Planta) als NotI sondiert. Die den Hybridisierungssignalen entsprechenden rekombinanten Phagen wurden vereinzelt. Durch in vivo Excision wurden Plasmide aus dem Lambda zap-Genom ausgeschnitten, die eine doppelsträngige cDNA als Insertion tragen. Die Plasmide wurden in Bakterienzellen transformiert. Anschließend wurde die Plasmid-DNA in den Bakterien vermehrt. Nach Überprüfung der Größe der Insertionen wurden einzelne Klone durch Bestimmung der Primärsequenz analysiert.

Ausführungsbeispiel 3

50 Klonierung von cDNA zu Saccharosesynthase aus Zuckerrübe

Aus Speicherwurzeln von im Gewächshaus gewachsenen 3–4 Monate alten Zuckerrübenpflanzen wurde RNA nach der Methode von Logemann et al. (1987, Anal Biochem 163, 16–20) isoliert. Ausgehend von poly-A + -RNA wurde eine cDNA-Bibliothek nach der Methode von Gubler und Hoffmann (1983, Gene 25, 263) im Expressionsvektor Lambda Zap II XR angelegt. Hierzu wurde ein mit einer XhoI-Erkennungsstelle versehener Oligo-dT-Primer verwendet, zur Synthese des ersten cDNA-Stranges wurden methylierte Cytidinnukleotide eingesetzt. Nach Synthese des zweiten Strangs wurde ein EcoRI-Adapter angefügt und auf einer Seite durch Schnitt mit der Restriktionsendonuklease XhoI wieder entfernt. Dabei verhindert die Hemimethylierung der cDNA, daß an internen XhoI Erkennungsstellen geschnitten wird. Durch diese Vorgehensweise entsteht eine Population von cDNA-Molekülen, die in EcoRI/XhoI geschnittene DNA des Phagen Lambda gerichtet kloniert werden können. Nach dem Verpacken rekombinanter Phagen-DNA in Phagenköpfe wurden 200 000 "Plaque forming units" der Bank zur Infektion eines Bakterienrasens ausplattiert und anschließend parallel mit den beiden EcoRI/BglIII Subfragmenten der Saccharosesynthase aus Mais (Worrell et al., 1991, Plant Cell 3, 1121–1130) sondiert. Die den Hybridisierungssignalen entsprechenden rekombinanten Phagen wurden vereinzelt. Durch in vivo Excision wurden Plasmide aus dem Lambda zap-Genom ausgeschnitten, die eine doppelsträngige cDNA als Insertion tragen. Die Plasmide wurden in Bakterienzellen transformiert. Anschließend wurde die Plasmid-DNA in den Bakterien vermehrt. Nach Überprüfung der Größe der Insertionen wurden einzelne Klone durch Bestimmung der Primärsequenz analysiert.

Ausführungsbeispiel 4

Bestimmung der Nukleotidsequenzen von ADP-Glukose-Pyrophosphorylase, Saccharosephosphat-Synthase und Saccharosesynthase aus Zuckerrüben sowie Ableitung der entsprechenden Aminosäuresequenzen

Die Nukleotidsequenzen der nach den Ausführungsbeispielen 1—3 erhaltenen Insertionen wurden nach Standardverfahren mittels der Dideoxymethode (Sanger et al., 1977, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5463—5467) bestimmt. Die Nukleotidsequenzen und die abgeleiteten Aminosäuresequenzen sind in den Sequenzprotokollen Seq. ID Nr. 1—4 angegeben.

SEQ ID NO: 1

ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein

SEQUENZLÄNGE: 1924 Basenpaare

STRANGFORM: Einzelstrang

TOPOLOGIE: linear

ART DES MOLEKÜLS: cDNA

URSPRÜNGLICHE HERKUNFT

ORGANISMUS: Beta vulgaris

UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap

MERKMALE:

von 206 bis 1770 Kodierregion

EIGENSCHAFTEN:

ADP-Glukose-Pyrophosphorylase, große Untereinheit

SEQ ID NO: 1

SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein

SEQUENCE LENGH: 1924 base pairs

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: cDNA

ORIGINAL SOURCE

ORGANISM: Beta vulgaris

IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap

FEATURES:

from 206 to 1770 coding region

PROPERIES: ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, large subunit

DE 43 17 596 A1

	CAAAAGAAAA ACTTCCCATT TCTACTTCTT TGCACAATAT AATTTCCCAC	0050
5	CAATTTTCTTCT TTAAATTTCT CACTTTCATT TAATCAGTTT TCAGCAACAT	0100
	TCTGATACTC GACAACCCAC TTTCTGTTCT CCAAGATTC CAAACCTCTG	0150
10	ATTCTCATTC CACTAATATT TTTGCTTATT TTTTCTCTGG ATTTAAAGAA	0200
15	AAGCT ATG GAT GCA AGT GCA GCA GCC ATA AAT GTC AAT GCC CAT	0243
	Met Asp Ala Ser Ala Ala Ala Ile Asn Val Asn Ala His	
	5 10	
20	TTA ACA GAA GTT GGA AAG AAA CGT TTT TTA GGA GAG AGA ATC AGT	0288
	Leu Thr Glu Val Gly Lys Lys Arg Phe Leu Gly Glu Arg Ile Ser	
25	15 20 25	
	CAA AGT TTG AAG GGT AAA GAT CTG AGA GCT CTG TTT TCA AGA ACT	0333
30	Gln Ser Leu Lys Gly Lys Asp Leu Arg Ala Leu Phe Ser Arg Thr	
	30 35 40	
35	GAG AGC AAG GGT AGA AAT GTC AAT AAA CCT GGG GTT GCA TTT TCT	0378
	Glu Ser Lys Gly Arg Asn Val Asn Lys Pro Gly Val Ala Phe Ser	
40	45 50 55	
	GTT CTC ACC TCA GAT TTT AAT CAA AGT GTT AAA GAA TCT TTG AAA	0423
45	Val Leu Thr Ser Asp Phe Asn Gln Ser Val Lys Glu Ser Leu Lys	
	60 65 70	
50	TAT GAG CCA GCA TTA TTT GAA TCT CCA AAA GCT GAC CCA AAA AAT	0468
	Tyr Glu Pro Ala Leu Phe Glu Ser Pro Lys Ala Asp Pro Lys Asn	
	75 80 85	
55	GTG GCT GCA ATT GTG CTG GGT GGT GGT GCT GGG ACT CGC CTC TTT	0513
	Val Ala Ala Ile Val Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Phe	
60	90 95 100	

65

DE 43 17 596 A1

CCT CTT ACT AGC AGG AGA GCT AAG CCA GCA GTG CCA ATT GGA GGG	0558	
Pro Leu Thr Ser Arg Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Ile Gly Gly		
105 110 115		5
TGT TAC AGG CTG ATT GAT GTG CCT ATG AGC AAC TGC ATC AAC AGT	0603	
Cys Tyr Arg Leu Ile Asp Val Pro Met Ser Asn Cys Ile Asn Ser		10
120 125 130		
GGC ATT AGA AAG ATT TTC ATT CTT ACC CAG TTC AAT TCG TTT TCG	0648	15
Gly Ile Arg Lys Ile Phe Ile Leu Thr Gln Phe Asn Ser Phe Ser		
135 140 145		20
CTT AAT CGT CAT CTT GCT CGA ACC TAT AAT TTT GGA GAT GGT GTG	0693	
Leu Asn Arg His Leu Ala Arg Thr Tyr Asn Phe Gly Asp Gly Val		25
150 155 160		
AAT TTT GGG GAT GGC TTT GTG GAG GTT TTT GCT GCT ACA CAA ACA	0738	
Asn Phe Gly Asp Gly Phe Val Glu Val Phe Ala Ala Thr Gln Thr		30
165 170 175		
CCT GGA GAA TCA GGA AAG AAA TGG TTC CAG GGC ACC GCT GAT GCA	0783	35
Pro Gly Glu Ser Gly Lys Lys Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala		
180 185 190		40
GTA AGA CAG TTT TTC TGG GCA TTT GAG GAT TCC AAA TCC AAG GAT	0828	
Val Arg Gln Phe Phe Trp Ala Phe Glu Asp Ser Lys Ser Lys Asp		45
195 200 205		
GTC GAG CAT ATA GTT ATT TTA TCC GGT GAT CAT CTT TAC CGA ATG	0873	50
Val Glu His Ile Val Ile Leu Ser Gly Asp His Leu Tyr Arg Met		
210 215 220		
GAT TAC ATG AGT TTT TGG CAG AAG CAC ATT GAC ACC AAT GCT GAT	0918	55
Asp Tyr Met Ser Phe Trp Gln Lys His Ile Asp Thr Asn Ala Asp		
225 230 235		60

65

DE 43 17 596 A1

5	ATT ACA GTG TCA TGC ATA CCC ATG GAT GAC AGC CGT GCA TCG GAT	0963
	Ile Thr Val Ser Cys Ile Pro Met Asp Asp Ser Arg Ala Ser Asp	
	240 245 250	
10	TAT GGG CTG ATG AAG ATT GAT CAC ACT GGA CGC ATT GTC CAT TTT	1008
	Tyr Gly Leu Met Lys Ile Asp His Thr Gly Arg Ile Val His Phe	
	255 260 265	
15	GCA GAA AAA CCC AAG GGT TCT GAT CTA ACA GCA ATG CAA GTA GAT	1053
	Ala Glu Lys Pro Lys Gly Ser Asp Leu Thr Ala Met Gln Val Asp	
	270 275 280	
20	ACA ACT GTT CTT GGG CTC TCT GAC CTT GAA GCT ATG TCA AAT CCA	1098
	Thr Thr Val Leu Gly Leu Ser Asp Leu Glu Ala Met Ser Asn Pro	
25	285 290 295	
30	TAT ATT GCA TCA ATG GGT GTT TAT GTC TTT CGA ACG GAT GTT CTT	1143
	Tyr Ile Ala Ser Met Gly Val Tyr Val Phe Arg Thr Asp Val Leu	
	300 305 310	
35	ATG GAG CTT CTC AAT CGA AAA TAC CCT TCA AGC AAT GAT TTT GGC	1188
	Met Glu Leu Leu Asn Arg Lys Tyr Pro Ser Ser Asn Asp Phe Gly	
40	315 320 325	
45	TCT GAG ATT ATT CCT TCA GCT GTA GGA GAG TCT AAT GTT CAG GCA	1233
	Ser Glu Ile Ile Pro Ser Ala Val Gly Glu Ser Asn Val Gln Ala	
	330 335 340	
50	TAT CTA TTT AAT GAC TAC TGG GAG GAT ATC GGA ACC ATA AAG TCT	1278
	Tyr Leu Phe Asn Asp Tyr Trp Glu Asp Ile Gly Thr Ile Lys Ser	
	345 350 355	
55	TTC TTT GAT TCC AAT TTG GCC CTT ACA CAA CAG CCT CCC AAG TTT	1323
	Phe Phe Asp Ser Asn Leu Ala Leu Thr Gln Gln Pro Pro Lys Phe	
60	360 365 370	
65		

DE 43 17 596 A1

GAA TTC TAC GAT CCA AAA ACA CCT TTT TAT ACA TCT GCA AGA TTT	1368	
Glu Phe Tyr Asp Pro Lys Thr Pro Phe Tyr Thr Ser Ala Arg Phe		
375 380 385		5
CTG CCT CCT ACA AAA GTC GAC AGG TGC AAG ATT GTC GAT TCC ATT	1413	
Leu Pro Pro Thr Lys Val Asp Arg Cys Lys Ile Val Asp Ser Ile		10
390 395 400		
GTA TCC CAT GGT TGT TTT CTA CAG GAG TCT AGC ATC CAA CAT TCC	1458	15
Val Ser His Gly Cys Phe Leu Gln Glu Ser Ser Ile Gln His Ser		
405 410 415		20
ATT GTT GGT GTT CGC TCA AGA TTA GAG TCC GGG GTT GAG TTC CAG	1503	
Ile Val Gly Val Arg Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Glu Phe Gln		25
420 425 430		
GAC ACC ATG ATG ATG GGC GCA GAT TAC TAT CAA ACT GAA TCA GAA	1548	
Asp Thr Met Met Met Gly Ala Asp Tyr Tyr Gln Thr Glu Ser Glu		30
435 440 445		
ATT GCT TCT CTG CTT GCT GAG GGA AAG GTT CCT GTT GGT GTC GGA	1593	35
Ile Ala Ser Leu Leu Ala Glu Gly Lys Val Pro Val Gly Val Gly		
450 455 460		40
CAG AAT ACC AAA ATA AAG AAT TGC ATA ATT GAC AAG AAC GCC AAA	1638	
Gln Asn Thr Lys Ile Lys Asn Cys Ile Ile Asp Lys Asn Ala Lys		45
465 470 475		
ATT GGA AAA GAT GTG GTA ATC GCA AAC ACG GAT GGT GTT GAG GAA	1683	50
Ile Gly Lys Asp Val Val Ile Ala Asn Thr Asp Gly Val Glu Glu		
480 485 490		
GCA GAT AGA CCA AAT GAA GGC TTT TAC ATC AGG TCG GGC ATT ACC	1728	55
Ala Asp Arg Pro Asn Glu Gly Phe Tyr Ile Arg Ser Gly Ile Thr		
495 500 505		60

DE 43 17 596 A1

ATC ATT TTG AAG AAC GCA ACC ATA CAA GAC GGT CTT GTG ATT TAG 1773
 Ile Ile Leu Lys Asn Ala Thr Ile Gln Asp Gly Leu Val Ile End
 5 510 515 520

ATTTAATCAT AACCTCATTAA GAAAGAAATA ATTTTGCATG ATTTTCCTTTT 1823

10 CATGTAACCT AAAGTGGCTA AACCACGAGG TTTTCTCATC TGTATATATA 1873

15 ATATGTCTAT AACTATGGAT AATCTTAATA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1923

A 1924

20 SEQ ID NO: 2
 ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein
 SEQUENZLÄNGE: 1763 Basenpaare
 STRANG FORM: Einzelstrang
 25 TOPOLOGIE: linear
 ART DES MOLEKÜLS: cDNA
 URSPRÜNGLICHE HERKUNFT
 ORGANISMUS: Beta vulgaris
 UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap
 30 MERKMALE:
 von 3 bis 1469 Kodierregion
 EIGENSCHAFTEN:
 ADP-Glukose-Pyrophosphorylase kleine Untereinheit
 35 SEQ ID NO: 2
 SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein
 SEQUENCE LENGTH: 1763 base pairs
 STRANDEDNESS: single
 TOPOLOGY: linear
 40 MOLECULE TYPE: cDNA
 ORIGINAL SOURCE
 ORGANISM: Beta vulgaris
 IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap
 FEATURES:
 45 from 3 to 1469 coding region
 PROPERTIES: ADP-Glucose-Pyrophosphorylase, small subunit

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

GG ATA ACT GTG CCA TCA ACC TCC TCA AAG AAC CTC CAA AAT AGC	0044	
Ile Thr Val Pro Ser Thr Ser Ser Lys Asn Leu Gln Asn Ser		
5	10	5
CTC GCA TTC TCC TCT TCT TCT CTC TCC GGC GAC AAA ATT CAA ACG	0089	
Leu Ala Phe Ser Ser Ser Ser Leu Ser Gly Asp Lys Ile Gln Thr		10
15	20	25
ACG TCA TTT CTC AAC CGC CGA TAT TGT AGA ATC TCT TCT AGA GCT	0134	15
Thr Ser Phe Leu Asn Arg Arg Tyr Cys Arg Ile Ser Ser Arg Ala		
30	35	40
CCG ATT GTT GTC TCT CCC AAA GCT GTT TCT GAT TCT AAG AAT TCG	0179	20
Pro Ile Val Val Ser Pro Lys Ala Val Ser Asp Ser Lys Asn Ser		
45	50	55
CAG ACT TGT CTT GAC CCT GAA GCC AGC CGT AGT GTT CTT GGT ATT	0224	25
Gln Thr Cys Leu Asp Pro Glu Ala Ser Arg Ser Val Leu Gly Ile		
60	65	70
ATA CTT GGA GGT GGT GCT GGT ACA CGT CTT TAC CCG TTG ACT AAG	0269	30
Ile Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Tyr Pro Leu Thr Lys		
75	80	85
AAG AGA GCC AAA CCA GCC GTG CCA CTC GGT GCT AAT TAT AGG CTT	0314	35
Lys Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Leu		
90	95	100
ATT GAT ATC CCA GTG AGC AAT TGT TTG AAC AGT AAT ATT TCC AAA	0359	40
Ile Asp Ile Pro Val Ser Asn Cys Leu Asn Ser Asn Ile Ser Lys		
105	110	110
ATA TAT GTT CTT ACA CAA TTC AAT TCT GCT TCT CTG AAT CGT CAT	0404	45
Ile Tyr Val Leu Thr Gln Phe Asn Ser Ala Ser Leu Asn Arg His		
115	120	125

DE 43 17 596 A1

	CTT TCG CGG GCA TAT GCT AGC AAC ATG GGA GGA TAC AAA AAT GAG	0449
	Leu Ser Arg Ala Tyr Ala Ser Asn Met Gly Gly Tyr Lys Asn Glu	
5	130 135 140	
	GGG TTT GTA GAA GTT CTT GCT GCT CAG CAA AGT CCA GAG AAT CCA	0494
10	Gly Phe Val Glu Val Leu Ala Ala Gln Gln Ser Pro Glu Asn Pro	
	145 150 155	
	AAC TGG TTT CAG GGT ACA GCT GAT GCT GTT AGG CAA TAT CTG TGG	0539
15	Asn Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala Val Arg Gln Tyr Leu Trp	
	160 165 170	
20	CTT TTC GAA GAG CAC AAT GTT CTT GAG TAC TTG ATT CTT GCT GGT	0584
	Leu Phe Glu Glu His Asn Val Leu Glu Tyr Leu Ile Leu Ala Gly	
25	175 180 185	
	GAC CAT TTG TAT CGA ATG GAT TAT GAA AGA TTT GTC CAA GCT CAC	0629
30	Asp His Leu Tyr Arg Met Asp Tyr Glu Arg Phe Val Gln Ala His	
	190 195 200	
	AGA GAA ACT GAT GCA GAC ATT ACT GTT GCT GCA TTG CCA ATG GAT	0674
35	Arg Glu Thr Asp Ala Asp Ile Thr Val Ala Ala Leu Pro Met Asp	
40	205 210 215	
	GAA AAG CGT GCT ACT GCA TTT GGT TTG ATG AAA ATT GAT GAA GAA	0719
45	Glu Lys Arg Ala Thr Ala Phe Gly Leu Met Lys Ile Asp Glu Glu	
	220 225 230	
	GGA AGA ATT ATT GAG TTT GCC GAG AAA CCG AAA GGA GAA CAA TTG	0764
50	Gly Arg Ile Ile Glu Phe Ala Glu Lys Pro Lys Gly Glu Gln Leu	
	235 240 245	
55	AAA GCT ATG AAG GTT GAT ACC ACA ATC CTG GGT CTG GAC GAT GAG	0809
	Lys Ala Met Lys Val Asp Thr Thr Ile Leu Gly Leu Asp Asp Glu	
60	250 255 260	
65		

DE 43 17 596 A1

AGA GCA AAA GAA ATG CCA TTC ATA GCC AGC ATG GGC ATA TAT GTT	0854	
Arg Ala Lys Glu Met Pro Phe Ile Ala Ser Met Gly Ile Tyr Val		
265	270	275
5		
ATT AGC AAA GAT GTA ATG CTT AAT CTG CTT CGG GAG CAA TTT CCT	0899	
Ile Ser Lys Asp Val Met Leu Asn Leu Leu Arg Glu Gln Phe Pro		
280	285	290
10		
GGT GCT AAT GAT TTT GGA AGT GAA GTT ATT CCA GGC GCC ACT TCC	0944	
Gly Ala Asn Asp Phe Gly Ser Glu Val Ile Pro Gly Ala Thr Ser		
295	300	305
15		
ATA GGG TTG AGA GTC CAA GCT TAT TTG TAT GAT GGT TAC TGG GAG	0989	
Ile Gly Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu Tyr Asp Gly Tyr Trp Glu		
310	315	320
20		
GAT ATT GGT ACC ATT GAA GCT TTT TAC AAT GCT AAC TTG GGA ATC	1034	
Asp Ile Gly Thr Ile Glu Ala Phe Tyr Asn Ala Asn Leu Gly Ile		
325	330	335
30		
ACC AAA AAG CCG GTG CCA GAT TTT AGC TTC TAT GAT CGT TCA TCT	1079	
Thr Lys Lys Pro Val Pro Asp Phe Ser Phe Tyr Asp Arg Ser Ser		
340	345	350
35		
CCA ATT TAT ACA CAA CCT CGG TAT TTG CCT CCT TCA AAG ATG CTT	1124	
Pro Ile Tyr Thr Gln Pro Arg Tyr Leu Pro Pro Ser Lys Met Leu		
355	360	365
40		
GAT GCT GAT ATA ACT GAC AGC GTC ATC GGT GAA GGC TGT GTT ATT	1169	
Asp Ala Asp Ile Thr Asp Ser Val Ile Gly Glu Gly Cys Val Ile		
370	375	380
45		
AAG AAC TGT AAG ATT CAT CAT TCT GTT ATC GGA CTT CGA TCT TGT	1214	
Lys Asn Cys Lys Ile His His Ser Val Ile Gly Leu Arg Ser Cys		
385	390	395
50		
55		
60		
65		

DE 43 17 596 A1

5	ATC TCG GAG GGT GCA ATC ATT GAG GAC ACA CTG TTG ATG GGA GCT Ile Ser Glu Gly Ala Ile Ile Glu Asp Thr Leu Leu Met Gly Ala 400 405 410	1259
10	GAT TAT TAT GAG ACT GAT GCT GAT CGG AAA TTC CTG GCT GCT AAG Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Ala Asp Arg Lys Phe Leu Ala Ala Lys 415 420 425	1304
15	GGT AGT GTA CCT ATT GGA ATT GGG AAT GCA CGT ATT GGG GAT GAT Gly Ser Val Pro Ile Gly Ile Gly Asn Ala Arg Ile Gly Asp Asp 430 435 440	1349
20	GTC AAG ATT ATC AAC AGT GAC AAT GTA CAA GAA GCA GCA AGA GAA Val Lys Ile Ile Asn Ser Asp Asn Val Gln Glu Ala Ala Arg Glu 445 450 455	1394
25	ACA GAC GGA TAC TTC ATA AAG AGC GGA ATA GTC ACT ATA ATC AAG Thr Asp Gly Tyr Phe Ile Lys Ser Gly Ile Val Thr Ile Ile Lys 460 465 470	1439
30	GAC GCC ATG ATT CCA AGT GGA ACT GTA ATC TAG AAATGGAGCA Asp Ala Met Ile Pro Ser Gly Thr Val Ile End 475 480 485	1482
35	TATAATAAAT ATCACTGCCT ATTTACAGTA CCTATCTGAG TCTCCCACCA	1532
40	TGACCCTTTG ATTCAATCTT TTAGTTATGT AAATATTTTT GGCTTTTGCG	1582
45	ATTTTGCCAT AAATTTGAAG AAGCGAGGAT TCAGGGACGA TAGTGCTATG	1632
50	AATTGGAAGA AAGGATTG GGGATATCTT TGTAAGACA TTTTGACTAC	1682
55	TGGGCACTAA AAATTTGGTA ATGCTATACC AAAATATATA AAAAGATCTT	1732
60	GCTGGGTTTT GTAAAAAAA AAAAAAAAAA A	1763

SEQ ID NO: 3
 ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein
 SEQUENZLÄNGE: 3635 Basenpaare
 STRANG FORM: Einzelstrang
 TOPOLOGIE: linear
 ART DES MOLEKÜLS: cDNA
 URSPRÜNGLICHE HERKUNFT

ORGANISMUS: Beta vulgaris
UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap
MERKMALE:
von 31 bis 3164 Kodierregion
EIGENSCHAFTEN:
Saccharosephosphat-Synthase

5

SEQ ID NO: 3
SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein
SEQUENCE LENGTH: 3635 base pairs
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: cDNA
ORIGINAL SOURCE
ORGANISM: Beta vulgaris
IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap
FEATURES:
from 31 to 3164 coding region
PROPERTIES: Saccharosephosphat-Synthase

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

	GGGCTGCAGG GAAGCTCTGA ACTTCAAAA ATG GCG GGA AAT GAT	0044
	Met Ala Gly Asn Asp	
5		5
	TGG ATA AAC AGT TAT TTA GAG GCA ATT CTG GAT GTG GGT CCA GGA	0089
10	Trp Ile Asn Ser Tyr Leu Glu Ala Ile Leu Asp Val Gly Pro Gly	
	10 15 20	
	CTT GAT GAT GCA AAA TCA TCT TTG CTT TTG AGA GAA AGA GGC AGG	0134
15	Leu Asp Asp Ala Lys Ser Ser Leu Leu Leu Arg Glu Arg Gly Arg	
	25 30 35	
20		
	TTT AGT CCT ACT CGT TAC TTT GTT GAA GAA GTT ATC ACT GGT TTT	0179
	Phe Ser Pro Thr Arg Tyr Phe Val Glu Glu Val Ile Thr Gly Phe	
25	40 45 50	
	GAT GAA ACC GAC CTT CAT CGT TCA TGG GTT CGG GCA CAA GCA ACA	0224
30	Asp Glu Thr Asp Leu His Arg Ser Trp Val Arg Ala Gln Ala Thr	
	55 60 65	
35		
	AGG AGT CCT CAA GAG AGG AAT ACT AGA TTG GAG AAC ATG TGT TGG	0269
	Arg Ser Pro Gln Glu Arg Asn Thr Arg Leu Glu Asn Met Cys Trp	
40	70 75 80	
	AGA ATT TGG AAT TTG GCT CGT CAG AAG AAG CAG CTT GAG AAT GAA	0314
45	Arg Ile Trp Asn Leu Ala Arg Gln Lys Lys Gln Leu Glu Asn Glu	
	85 90 95	
	GAA GCT CAG CGG AAG ACA AAA CGT CGT ATG GAG CTT GAG AGG GGT	0359
50	Glu Ala Gln Arg Lys Thr Lys Arg Arg Met Glu Leu Glu Arg Gly	
	100 105 110	
55		
	CGT CGA GAA GCA ACT GCT GAT ATG TCG GAG GAC TTA TCA GAA GGC	0404
	Arg Arg Glu Ala Thr Ala Asp Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Gly	
60	115 120 125	
65		

DE 43 17 596 A1

GAA AAG GAC ATT TCA GCT CAT GGT GAT AGC ACC CGT CCT AGA TTG	0449	
Glu Lys Asp Ile Ser Ala His Gly Asp Ser Thr Arg Pro Arg Leu		
130 135 140		5
CCA AGA ATA AAT TCT CTT GAT GCT ATG GAG ACA TGG ATT AGT CAA	0494	
Pro Arg Ile Asn Ser Leu Asp Ala Met Glu Thr Trp Ile Ser Gln		10
145 150 155		
CAA AAG GAA AAA AAA CTC TAC CTT GTT TTG ATA AGT CTT CAT GGT	0539	15
Gln Lys Glu Lys Lys Leu Tyr Leu Val Leu Ile Ser Leu His Gly		
160 165 170		20
TTG ATA CGA GGT GAA AAC ATG GAA CTT GGC CGT GAT TCT GAT ACT	0584	
Leu Ile Arg Gly Glu Asn Met Glu Leu Gly Arg Asp Ser Asp Thr		25
175 180 185		
GGT GGT CAG GTT AAG TAT GTG GTT GAG CTT GCA AGG GCT CTA GGT	0629	
Gly Gly Gln Val Lys Tyr Val Val Glu Leu Ala Arg Ala Leu Gly		30
190 195 200		
TCG ATG CCA GGT GTT TAT AGA GTT GAT TTG CTA ACT AGG CAA GTT	0674	35
Ser Met Pro Gly Val Tyr Arg Val Asp Leu Leu Thr Arg Gln Val		
205 210 215		40
TCA TCT CCT GAC GTG GAT TGG AGT TAT GGG GAG CCT ACT GAG ATG	0719	
Ser Ser Pro Asp Val Asp Trp Ser Tyr Gly Glu Pro Thr Glu Met		45
220 225 230		
CTG AAT CCA AGG GAT TCC AAT GGT TTT GAT GAT GAT GAT GAT GAA	0764	50
Leu Asn Pro Arg Asp Ser Asn Gly Phe Asp Asp Asp Asp Asp Glu		
235 240 245		
ATG GGA GAG AGT AGT GGT GCT TAC ATT GTT CGT ATA CCA TTT GGG	0809	55
Met Gly Glu Ser Ser Gly Ala Tyr Ile Val Arg Ile Pro Phe Gly		
250 255 260		60

65

DE 43 17 596 A1

	CCG AGG GAT AAG TAT ATC GCA AAA GAA GAG CTT TGG CCC TAT ATT	0854
	Pro Arg Asp Lys Tyr Ile Ala Lys Glu Glu Leu Trp Pro Tyr Ile	
5	265 270 275	
	CCT GAA TTT GTT GAT GGT GCT CTA AAC CAC ATA GTT CAA ATG TCC	0899
10	Pro Glu Phe Val Asp Gly Ala Leu Asn His Ile Val Gln Met Ser	
	280 285 290	
	AAA GTT TTA GGT GAG CAA ATT GGT AGC GGG GAA ACA GTT TGG CCA	0944
15	Lys Val Leu Gly Glu Gln Ile Gly Ser Gly Glu Thr Val Trp Pro	
	295 300 305	
20	GTT GCC ATT CAT GGA CAT TAT GCT GAT GCT GGT GAT TCT GCT GCT	0989
	Val Ala Ile His Gly His Tyr Ala Asp Ala Gly Asp Ser Ala Ala	
25	310 315 320	
	CTT CTT TCT GGT GGC CTA AAT GTT CCA ATG CTT TTA ACG GGG CAT	1034
30	Leu Leu Ser Gly Gly Leu Asn Val Pro Met Leu Leu Thr Gly His	
	325 330 335	
	TCT CTT GGC CGA GAC AAG TTA GAG CAG CTC CTC AAA CAG GGT CGA	1079
35	Ser Leu Gly Arg Asp Lys Leu Glu Gln Leu Leu Lys Gln Gly Arg	
	340 345 350	
40	ATG TCT AAA GAT GAC ATA AAC AAT ACA TAC AAA ATA ATG CGT AGG	1124
	Met Ser Lys Asp Asp Ile Asn Asn Thr Tyr Lys Ile Met Arg Arg	
45	355 360 365	
	ATA GAA GCC GAA GAG TTA TCA CTT GAT GCC TCT GAG ATA GTC ATA	1169
50	Ile Glu Ala Glu Glu Leu Ser Leu Asp Ala Ser Glu Ile Val Ile	
	370 375 380	
55	ACT AGT ACA AGA CAA GAA ATA GAA GAG CAA TGG CAC CTC TAT GAT	1214
	Thr Ser Thr Arg Gln Glu Ile Glu Glu Gln Trp His Leu Tyr Asp	
60	385 390 395	
65		

DE 43 17 596 A1

GGG TTT GAT CCT GTG CTA GAA CGT AAA CTC CGT GCT AGG ATG AAG	1259	
Gly Phe Asp Pro Val Leu Glu Arg Lys Leu Arg Ala Arg Met Lys		
400 405 410		5
CGT GGT GTA AGC TGT TAT GGA AGG TTC ATG CCC CGG ATG GTT GTT	1304	
Arg Gly Val Ser Cys Tyr Gly Arg Phe Met Pro Arg Met Val Val		10
415 420 425		
ATT CCT CCT GGA ATG GAA TTC AAT CAT ATT GTT CCA CAT GAG GGT	1349	15
Ile Pro Pro Gly Met Glu Phe Asn His Ile Val Pro His Glu Gly		
430 435 440		20
GAT ATG GAT GGT GAA ACA GAA GAA ACT GAA GAG CAT CCT ACA TCA	1394	
Asp Met Asp Gly Glu Thr Glu Glu Thr Glu Glu His Pro Thr Ser		25
445 450 455		
CCT GAT CCA CCT ATC TGG GCT GAG ATT ATG CGC TTC TTT TCT AAA	1439	30
Pro Asp Pro Pro Ile Trp Ala Glu Ile Met Arg Phe Phe Ser Lys		
460 465 470		
CCA AGG AAG CCA ATG ATA CTT GCC CTT GCT AGG CCT GAC CCG AAG	1484	35
Pro Arg Lys Pro Met Ile Leu Ala Leu Ala Arg Pro Asp Pro Lys		40
475 480 485		
AAG AAT ATC ACG ACT TTG GTC AAA GCA TTT GGA GAA TGC CGT CCA	1529	
Lys Asn Ile Thr Thr Leu Val Lys Ala Phe Gly Glu Cys Arg Pro		45
490 495 500		
CTA AGG GAG CTA GCT AAT CTT ACT CTT ATA ATG GGT AAC CGA GAT	1574	50
Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Thr Leu Ile Met Gly Asn Arg Asp		
505 510 515		
GGT ATT GAC GAG ATG TCA AGC ACC AGT TCT TCA GTT CTC CTG TCA	1619	55
Gly Ile Asp Glu Met Ser Ser Thr Ser Ser Ser Val Leu Leu Ser		60
520 525 530		

DE 43 17 596 A1

5	GTG CTT AAG CTA ATT GAT CAA TAC GAC CTT TAT GGT CAA GTA GCA	1664
	Val Leu Lys Leu Ile Asp Gln Tyr Asp Leu Tyr Gly Gln Val Ala	
	535 540 545	
10	TAC CCC AAA CAT CAC AAG CAA GCT GAT GTT CCT GAG ATT TAT CGT	1709
	Tyr Pro Lys His His Lys Gln Ala Asp Val Pro Glu Ile Tyr Arg	
	550 555 600	
15	TTG GCA GCA AAG ACA AAG GGA GTC TTT ATT AAT CCA GCT TTT ATT	1754
	Leu Ala Ala Lys Thr Lys Gly Val Phe Ile Asn Pro Ala Phe Ile	
	605 610 615	
20	GAG CCA TTT GGG CTG ACT CTA ATA GAG GCA GCA GCT CAT GGT TTA	1799
	Glu Pro Phe Gly Leu Thr Leu Ile Glu Ala Ala Ala His Gly Leu	
25	620 625 630	
30	CCG ATG GTT GCT ACG AAA AAT GGA GGC CCT GTT GAT ATC CAG AGG	1844
	Pro Met Val Ala Thr Lys Asn Gly Gly Pro Val Asp Ile Gln Arg	
	635 640 645	
35	GTC CTT GAT AAT GGT CTT CTT GTG GAT CCT CAT GAG CAG CAG TCT	1889
	Val Leu Asp Asn Gly Leu Leu Val Asp Pro His Glu Gln Gln Ser	
40	650 655 660	
45	ATT GCT ACT GCT TTG CTG AAG CTT GTT GCT GAT AAG CAA CTA TGG	1934
	Ile Ala Thr Ala Leu Leu Lys Leu Val Ala Asp Lys Gln Leu Trp	
	665 670 675	
50	ACA AAA TGC CAG CAA AAT GGA CTG AAA AAT ATT CAT CTC TAC TCT	1979
	Thr Lys Cys Gln Gln Asn Gly Leu Lys Asn Ile His Leu Tyr Ser	
	680 685 690	
55	TGG CCA GAG CAT TCG AAG ACA TAC CTA TCT CGA ATA GCC AGT TCG	2024
	Trp Pro Glu His Ser Lys Thr Tyr Leu Ser Arg Ile Ala Ser Ser	
60	695 700 705	
65		

DE 43 17 596 A1

AGA CAA AGG CAA CCA CAG TGG CAA AGA AGT AGT GAT GAA GGG CTT	2069	
Arg Gln Arg Gln Pro Gln Trp Gln Arg Ser Ser Asp Glu Gly Leu		
710 715 720		5
GAC AAT CAA GAG CCT GAA TCT CCA AGT GAT TCT TTA AGA GAT ATA	2114	
Asp Asn Gln Glu Pro Glu Ser Pro Ser Asp Ser Leu Arg Asp Ile		10
725 730 735		
AAG GAT ATA TCT CTA AAC CTT GAA GTT CTC GTT AGA CCG GAG AAA	2159	15
Lys Asp Ile Ser Leu Asn Leu Glu Val Leu Val Arg Pro Glu Lys		
740 745 750		20
AGG GTG AAG ACG TTG AAA ATC TTG GGA TTG ATG ACA AAA GCA AAT	2204	
Arg Val Lys Thr Leu Lys Ile Leu Gly Leu Met Thr Lys Ala Asn		25
755 760 765		
TCG AGA ATG CTG TTA TGT TCA TGG TCT AAT GGT GTC CAT AAG ATG	2249	
Ser Arg Met Leu Leu Cys Ser Trp Ser Asn Gly Val His Lys Met		30
770 775 780		
CTT CGG AAG GCT CGG TTC TCT GAC AAA GTA GAT CAG GCT TCT AGT	2294	35
Leu Arg Lys Ala Arg Phe Ser Asp Lys Val Asp Gln Ala Ser Ser		
785 790 795		40
AAA TAT CCA GCA TTT AGG AGG AGA AAA CTT ATA TAT GTT ATT GCT	2339	
Lys Tyr Pro Ala Phe Arg Arg Arg Lys Leu Ile Tyr Val Ile Ala		45
800 805 810		
GTA GAC GGG GAT TAT GAA GAT GGA CTT TTT GAT ATT GTT CGG AGG	2384	50
Val Asp Gly Asp Tyr Glu Asp Gly Leu Phe Asp Ile Val Arg Arg		
815 820 825		
ATA TTT GAT GCT GCT GGC AAG GAG AAG ATT GAA GGT TCC ATC GGG	2429	55
Ile Phe Asp Ala Ala Gly Lys Glu Lys Ile Glu Gly Ser Ile Gly		
830 835 840		60

DE 43 17 596 A1

	TTT	ATA	TTG	TCA	ACA	TCC	TAT	TCT	ATG	CCC	GAA	ATT	CAG	AAC	TAT	2474
	Phe	Ile	Leu	Ser	Thr	Ser	Tyr	Ser	Met	Pro	Glu	Ile	Gln	Asn	Tyr	
5					845					850					855	
	TTG	CTA	TCA	AAA	GGC	TTC	AAT	CTT	CAT	GAT	TTT	GAT	GCA	TAT	ATA	2519
10	Leu	Leu	Ser	Lys	Gly	Phe	Asn	Leu	His	Asp	Phe	Asp	Ala	Tyr	Ile	
					860					865					870	
	TGC	AAC	AGT	GGG	AGT	GAG	TTG	TAC	TAT	TCA	TCT	TTG	AAC	TCA	GAG	2564
15	Cys	Asn	Ser	Gly	Ser	Glu	Leu	Tyr	Tyr	Ser	Ser	Leu	Asn	Ser	Glu	
					875					880					885	
20																
	GAG	AGT	AAT	ATT	ATA	GCA	GAT	TCA	GAT	TAC	CAT	TCA	CAC	ATA	GAG	2609
	Glu	Ser	Asn	Ile	Ile	Ala	Asp	Ser	Asp	Tyr	His	Ser	His	Ile	Glu	
25					890					895					900	
	TAC	AGA	TGG	GGT	GGA	GAA	GGC	CTT	AGA	AGG	ACT	TTG	CTT	CGC	TGG	2654
30	Tyr	Arg	Trp	Gly	Gly	Glu	Gly	Leu	Arg	Arg	Thr	Leu	Leu	Arg	Trp	
					905					910					915	
35	GCA	GCT	TCC	ATC	ACA	GAA	AAA	AAT	GGT	GAA	AAC	GAA	GAA	CAG	GTT	2699
	Ala	Ala	Ser	Ile	Thr	Glu	Lys	Asn	Gly	Glu	Asn	Glu	Glu	Gln	Val	
					920					925					930	
40																
	ATT	ACT	GAA	GAT	GAA	GAA	GTT	TCT	ACG	GGT	TAT	TGC	TTT	GCG	TTT	2744
45	Ile	Thr	Glu	Asp	Glu	Glu	Val	Ser	Thr	Gly	Tyr	Cys	Phe	Ala	Phe	
					935					940					945	
50	AAA	ATA	AAG	AAC	CAA	AAT	AAG	GTT	CCC	CCT	ACG	AAG	GAG	CTC	CGC	2789
	Lys	Ile	Lys	Asn	Gln	Asn	Lys	Val	Pro	Pro	Thr	Lys	Glu	Leu	Arg	
					950					955					960	
55																
	AAG	TCA	ATG	AGG	ATT	CAA	GCT	CTT	CGT	TGC	CAT	GTG	ATT	TAC	TGT	2834
	Lys	Ser	Met	Arg	Ile	Gln	Ala	Leu	Arg	Cys	His	Val	Ile	Tyr	Cys	
60					965					970					975	
65																

DE 43 17 596 A1

CAG AAC GGA TCT AAA ATG AAT GTG ATT CCA GTA CTA GCA TCC CGT	2879	
Gln Asn Gly Ser Lys Met Asn Val Ile Pro Val Leu Ala Ser Arg		
980 985 990		5
TCT CAA GCC CTC AGG TAT CTT TAT GTT CGT TGG GGA GTT GAG TTG	2924	
Ser Gln Ala Leu Arg Tyr Leu Tyr Val Arg Trp Gly Val Glu Leu		10
995 1000 1005		
TCG AAG ATG GTT GTC TTT GTT GGA GAA TGT GGT GAC ACA GAT TAT	2969	15
Ser Lys Met Val Val Phe Val Gly Glu Cys Gly Asp Thr Asp Tyr		
1010 1015 1020		20
GAA GGC TTG CTT GGC GGG GTC CAT AAA ACC GTA ATA CTG AAG GGA	3014	
Glu Gly Leu Leu Gly Gly Val His Lys Thr Val Ile Leu Lys Gly		25
1025 1030 1035		
GTC TCC AAC ACT GCT TTA AGG TCT CTC CAT GCC AAC AGA AGT TAC	3059	
Val Ser Asn Thr Ala Leu Arg Ser Leu His Ala Asn Arg Ser Tyr		30
1040 1045 1050		
CCT CTT TCA CAT GTC GTG TCG CTT GAC AGC CCC AAT ATT GGC GAG	3104	35
Pro Leu Ser His Val Val Ser Leu Asp Ser Pro Asn Ile Gly Glu		
1055 1060 1065		40
GTG AGC AAA GGG TGC AGC AGC TCC GAG ATC CAG TCC ATC GTC ACA	3149	
Val Ser Lys Gly Cys Ser Ser Ser Glu Ile Gln Ser Ile Val Thr		45
1070 1075 1080		
AAA CTC TCC AAA GCT TAA TCAGATATCT GCTGCTTTCT TTTGGGTAAG	3197	50
Lys Leu Ser Lys Ala End		
1085		
CAAGGTTTCA TCTTATATGA TTATATCATA AGATACTATA TAAGCACCTT	3247	55
ATTGGTAAGT CAGTCCCATA ATAATAATGT ACTTCAGAAC CACAATACTT	3297	60
AAAAGTTGGT TCAGTAGTGA TTAGTCTCAT AATAATCATA TAATTACACA	3347	65

TCCGCTGTTA ACTAGTGGTA ATATCTAAGC TCAACAATAA AGATGTAAAA 3397
5 TGCTAGTATG GAAATGAATT GCTAGCTGTT GATCTCTTTC CCTTTATTCT 3447
GTATTATTTT TTTCTCATC TCATGTAAAA ACAATTTTCT GAAGGTGTAC 3497
10 AGTTTTTTTCC CCTTATATAT CTGTATTATT TCTACTATTT TTTGTTTGTA 3547
15 AGAATATCCT CTCATCGAGG AGTGATAATT AAATAACCGG CTTGCTAAAT 3597
ATAAAGCTTA TTCGAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 3635

20 SEQ ID NO: 4
ART DER SEQUENZ: Nucleotid mit entsprechendem Protein
SEQUENZLÄNGE: 2563 Basenpaare
STRANG FORM: Einzelstrang
25 TOPOLOGIE: linear
ART DES MOLEKÜLS: cDNA
URSPRÜNGLICHE HERKUNFT
ORGANISMUS: Beta vulgaris
UNMITTELBARE EXPERIMENTELLE HERKUNFT: cDNA Bibliothek im Phagen Lamda zap
30 MERKMALE:
von 3 bis 2300 Kodierregion
EIGENSCHAFTEN:
Saccharosesynthase
35 SEQ ID NO: 4
SEQUENCE TYPE: Nucleotide with corresponding protein
SEQUENCE LENGH: 2563 base pairs
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
40 MOLECULE TYPE: cDNA
ORIGINAL SOURCE
ORGANISM: Beta vulgaris
IMMEDIATE EXPERIMENTAL SOURCE: cDNA library in Phage Lamda zap
FEATURES:
45 from 3 to 2300 coding region
PROPERIES: Saccharosesynthase

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

CT GCA GGA GGG AAA CAA ATT CTT AGC GAT GGC CCG TTT AGC GAA	0044	
Ala Gly Gly Lys Gln Ile Leu Ser Asp Gly Pro Phe Ser Glu		
5 10		5
GTT CTT AGG TCT GCT CAG GAA GCA ATA GTT GTT CCT CCC TTT GTT	0089	
Val Leu Arg Ser Ala Gln Glu Ala Ile Val Val Pro Pro Phe Val		10
15 20 25		
GCT ATA GCA GTC CGT CCA AGA CCT GGA GTT TGG GAA TAT GTT CGT	0134	15
Ala Ile Ala Val Arg Pro Arg Pro Gly Val Trp Glu Tyr Val Arg		
30 35 40		20
GTT AAT GTC TCT GAA CTG AAT GTG GAG CAG CTA ACT GTG TCT GAG	0179	
Val Asn Val Ser Glu Leu Asn Val Glu Gln Leu Thr Val Ser Glu		25
45 50 55		
TAT CTC CAT TTC AAG GAA GAA CTT GTG GAT GGA AAG GCT GAT GAC	0224	
Tyr Leu His Phe Lys Glu Glu Leu Val Asp Gly Lys Ala Asp Asp		30
60 65 70		
CAC TAT GTG CTT GAG CTT GAT TTC GAG CCT TTT AAT GAA TCA GTT	0269	35
His Tyr Val Leu Glu Leu Asp Phe Glu Pro Phe Asn Glu Ser Val		
75 80 85		40
CCA CGT CCA ACT CGC TCT TCA TCA ATT GGT AAT GGT GTT CAG TTC	0314	
Pro Arg Pro Thr Arg Ser Ser Ser Ile Gly Asn Gly Val Gln Phe		45
90 95 100		
CTC AAT CGG CAC CTG TCA TCA AGC ATG TTC TGC AAC AAA GAT TGC	0359	50
Leu Asn Arg His Leu Ser Ser Ser Met Phe Cys Asn Lys Asp Cys		
105 110 115		
TTG GAG CCG TTA CTT GAT TTT CTT AGA GTG CAC AAA CAT AAA GGA	0404	55
Leu Glu Pro Leu Leu Asp Phe Leu Arg Val His Lys His Lys Gly		
120 125 130		60

DE 43 17 596 A1

5	GTT GTC ATG ATG TTG AAT GAT CGG ATA CAG ACT ATC CAG CGT CTT	0449
	Val Val Met Met Leu Asn Asp Arg Ile Gln Thr Ile Gln Arg Leu	
	135 140 145	
10	CAG TCT GCA TTG TCT AAA GCT GAG GAT TAT CTT ATC AAA CTT CCA	0494
	Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Leu Ile Lys Leu Pro	
	150 155 160	
15	GCA GAT ACA CCT TAC TCT GAG TTC GAA TTT GTA ATC CAA GGT ATG	0539
	Ala Asp Thr Pro Tyr Ser Glu Phe Glu Phe Val Ile Gln Gly Met	
	165 170 175	
20	GGT TTT GAA AGA GGC TGG GGT GAT ACT GCT GAA AGG GTT CTA GAA	0584
	Gly Phe Glu Arg Gly Trp Gly Asp Thr Ala Glu Arg Val Leu Glu	
25	180 185 190	
30	ATG ATG CAT CTA CTA CTA GAT ATC CTT CAG GCT CCC GAT CCG TCT	0629
	Met Met His Leu Leu Leu Asp Ile Leu Gln Ala Pro Asp Pro Ser	
	195 200 205	
35	ACA TTA GAG ACA TTT CTG GGA AGA CTT CCC ATG GTG TTT AAT GTG	0674
	Thr Leu Glu Thr Phe Leu Gly Arg Leu Pro Met Val Phe Asn Val	
40	210 215 220	
45	GTC ATT TTG TCT GTA CAT GGA TAT TTT GGA CAG GCA CAT GTG CTC	0719
	Val Ile Leu Ser Val His Gly Tyr Phe Gly Gln Ala His Val Leu	
	225 230 235	
50	GGC TTG CCT GAC ACT GGT GGG CAG ATA GTT TAT ATA CTT GAC CAA	0764
	Gly Leu Pro Asp Thr Gly Gly Gln Ile Val Tyr Ile Leu Asp Gln	
	240 245 250	
55	GTG CGG TCT CTG GAA CAT GAA ATG CTC CAA CGA ATA AAG AAG CAA	0809
	Val Arg Ser Leu Glu His Glu Met Leu Gln Arg Ile Lys Lys Gln	
60	255 260 265	
65		

DE 43 17 596 A1

GGA CTA GAT GTG ACT CCT AGA ATT CTT ATC GTG AGT CGG TTG ATT	0854	
Gly Leu Asp Val Thr Pro Arg Ile Leu Ile Val Ser Arg Leu Ile		
270 275 280		5
CCT GAC GCT AAA GGG ACC ACG TGC AAT CAA CGT ATG GAG AAA GTC	0899	
Pro Asp Ala Lys Gly Thr Thr Cys Asn Gln Arg Met Glu Lys Val		10
285 290 295		
AGT GGA ACA GAG CAT GCT AGT ATC CTG AGA GTT CCT TTC CGA TCA	0944	15
Ser Gly Thr Glu His Ala Ser Ile Leu Arg Val Pro Phe Arg Ser		
300 305 310		20
GAG AAA GGA ATC CTC CGC AAA TGG ATA TCT AGA TTT GAT GTA TGG	0989	
Glu Lys Gly Ile Leu Arg Lys Trp Ile Ser Arg Phe Asp Val Trp		25
315 320 325		
CCT TAT TTA GAG ACC TTC ACT GAG GAT GCA GCT GGT GAA ATT ATT	1034	
Pro Tyr Leu Glu Thr Phe Thr Glu Asp Ala Ala Gly Glu Ile Ile		30
330 335 340		
GGC GAG TTG CAG GGT CGT CCA GAT CTG ATA ATT GGC AAC TAC AGC	1079	35
Gly Glu Leu Gln Gly Arg Pro Asp Leu Ile Ile Gly Asn Tyr Ser		
345 350 355		40
GAT GGG AAT ATA GTT GCT TCT TTA TTG TCC CAC AAA ATG GGT GTC	1124	
Asp Gly Asn Ile Val Ala Ser Leu Leu Ser His Lys Met Gly Val		45
360 365 370		
ACC CAG TGC AAT ATA GCC CAT GCA TTG GAG AAA ACC AAG TAT CCA	1169	50
Thr Gln Cys Asn Ile Ala His Ala Leu Glu Lys Thr Lys Tyr Pro		
375 380 385		
GAT TCT GAT ATT TAC TGG AAA AGA TTT GAG GAC AAA TAT CAC TTC	1214	55
Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Lys Arg Phe Glu Asp Lys Tyr His Phe		
390 395 400		60

DE 43 17 596 A1

5	TCG TGT CAA TTT TCA GCT GAC TTG ATG GCA ATG AAT CAT GCT GAT	1259
	Ser Cys Gln Phe Ser Ala Asp Leu Met Ala Met Asn His Ala Asp	
	405 410 415	
10	TTC ATC ATT ACG AGT ACT TAC CAA GAG ATA GCT GGA ACG AAG AAT	1304
	Phe Ile Ile Thr Ser Thr Tyr Gln Glu Ile Ala Gly Thr Lys Asn	
	420 425 430	
15	ACT GTT GGT CAA TAT GAA AGC CAT AAG GCC TTT ACT TTT CCG GGG	1349
	Thr Val Gly Gln Tyr Glu Ser His Lys Ala Phe Thr Phe Pro Gly	
	435 440 445	
20	CTG TAT CGG GTG GTT CAC GGG ATT GAT GTC TTT GAT CCC AAG TTT	1394
	Leu Tyr Arg Val Val His Gly Ile Asp Val Phe Asp Pro Lys Phe	
25	450 455 460	
30	AAT ATT GTC TCG CCA GGG GCA GAC ATG GCC ATC TAC TTC CCA TTT	1439
	Asn Ile Val Ser Pro Gly Ala Asp Met Ala Ile Tyr Phe Pro Phe	
	465 470 475	
35	TCA GAG AAG GAT GTC ACC TGT CTC ACT TCA CTT CAT AGA CTT ATA	1484
	Ser Glu Lys Asp Val Thr Cys Leu Thr Ser Leu His Arg Leu Ile	
40	480 485 490	
45	GAG CAG CTC CTA TTC AAA CCT GAG CAG AAC GAA GAA CAC ATT GGT	1529
	Glu Gln Leu Leu Phe Lys Pro Glu Gln Asn Glu Glu His Ile Gly	
	495 500 505	
50	GTA TTA GAT GAT ACC TCA AAG CCA ATT ATA TTT TCC ATG GCG AGG	1574
	Val Leu Asp Asp Thr Ser Lys Pro Ile Ile Phe Ser Met Ala Arg	
	510 515 520	
55	CTA GAC CGT GTG AAG AAT ATA ACA GGG CTG GTA GAG TGC TAT GGC	1619
	Leu Asp Arg Val Lys Asn Ile Thr Gly Leu Val Glu Cys Tyr Gly	
60	525 530 535	
65		

DE 43 17 596 A1

AAG AAT GCG AAA CTC AGG GAA CTG GCA AAC CTG GTT GTA GTG GCT	1664	
Lys Asn Ala Lys Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Val Val Val Ala		
540 545 550		5
GGG TAC AAT GAT GTA AAA AAG TCG AAT GAC AGG GAG GAA ATT GCC	1709	
Gly Tyr Asn Asp Val Lys Lys Ser Asn Asp Arg Glu Glu Ile Ala		10
555 560 565		
GAA ATC GAG AAG ATG CAC AGG CTT ATA CAG GAG TAT AAT TTA AGA	1754	15
Glu Ile Glu Lys Met His Arg Leu Ile Gln Glu Tyr Asn Leu Arg		
570 575 580		20
GGA CAA TTT CGC TGG ATT GCT TCT CAA ACA AAT AGA GTA CGA AAT	1799	
Gly Gln Phe Arg Trp Ile Ala Ser Gln Thr Asn Arg Val Arg Asn		25
585 590 595		
GGT GAA CTC TAT CGC TAC ATT TGT GAC AAA GGA GGT ATT TTT GCG	1844	
Gly Glu Leu Tyr Arg Tyr Ile Cys Asp Lys Gly Gly Ile Phe Ala		30
600 605 610		
CAG CCT GCA TTT TAT GAA GCA TTT GGG CTT ACA GTT GTT GAA GCC	1889	35
Gln Pro Ala Phe Tyr Glu Ala Phe Gly Leu Thr Val Val Glu Ala		
615 620 625		40
ATG ACC TGT GGT CTT CCC ACA TTT GCT ACC TGC CAC GGT GGT CCA	1934	
Met Thr Cys Gly Leu Pro Thr Phe Ala Thr Cys His Gly Gly Pro		45
630 635 640		
GCT GAG ATT ATA GAA GAC GGT GTT TCA GGA TTT CAT ATC GAT CCA	1979	50
Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Val Ser Gly Phe His Ile Asp Pro		
645 650 655		
TAT CAT GCT GAT CAG GCA GAA AAA ATG ACT GAA TTC TTT GTC AAG	2024	55
Tyr His Ala Asp Gln Ala Glu Lys Met Thr Glu Phe Phe Val Lys		
660 665 670		60

DE 43 17 596 A1

5	TGC AGA GAG GAT CCA AAC TAC TGG ACT AAA ATC TCT GCA GGA GGG Cys Arg Glu Asp Pro Asn Tyr Trp Thr Lys Ile Ser Ala Gly Gly	2069
	675 680 685	
10	TTA CTA AGG ATC AAA GAA AGA TAT ACC TGG CAA AAG TAT TCT GAA Leu Leu Arg Ile Lys Glu Arg Tyr Thr Trp Gln Lys Tyr Ser Glu	2114
	690 695 700	
15	AGG TTA ATG ACA TTG GCA GGG GTG TAT GGT TTC TGG AAA TAT GTC Arg Leu Met Thr Leu Ala Gly Val Tyr Gly Phe Trp Lys Tyr Val	2159
	705 710 715	
20	TCT AAA CTA GAG AGA AGA GAG ACA CGA CGT TAT CTT GAG ATG TTC Ser Lys Leu Glu Arg Arg Glu Thr Arg Arg Tyr Leu Glu Met Phe	2204
25	720 725 730	
30	TAC ATT TTG AAG TTC CGT GAT CTG GCC AAC TCT GTT CCG CTG GCA Tyr Ile Leu Lys Phe Arg Asp Leu Ala Asn Ser Val Pro Leu Ala	2249
	735 740 745	
35	ACA GAT GAA GAG CCT TCT ACT ACT GAT GCA GTT GCG ACA TTC CGT Thr Asp Glu Glu Pro Ser Thr Thr Asp Ala Val Ala Thr Phe Arg	2294
40	750 755 760	
45	GGA CCT TGA ACGCTGCTGC TTAGTGAGGT TCCAAGTTGT GTATATATTA Gly Pro End	2343
50	CTGTGAAAGG AATAAGTGTA GCTACACAAA AGGTTCTCAA CTATTAGTAT	2393
	CTTCTCTGTG TAAATAACGA GAGTGAAAAA TGTAATATTG TTGATGTCTT	2443
55	GAAACTGAG TTTGCTTTGT TTATTTTAA GTGTATGACA ATATGTATCA	2493
60	TATAACGGAT TCTTCAGTGA TCATATCAAA AACTACTGAC CATCGAAGTT	2543
	AATGAAAATC GACAGCAACA	2563

Patentansprüche

1. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für die große Untereinheit der ADP-Glukose-Pyrophosphorylase zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID No. 1) hat:

DE 43 17 596 A1

CAAAAGAAAA ACTTCCCATT TCTACTTCTT TGCACAATAT AATTTCCCAC 0050

CAATTTTTCT TTAAATTTCT CACTTTCATT TAATCAGTTT TCAGCAACAT 0100 5

TCTGATACTC GACAACCCAC TTTCTGTTCT CCCAAGATTC CAAACCTCTG 0150

ATTCTCATTC CACTAATATT TTTGCTTATT TTTTTTCTGG ATTTAAAGAA 0200 10

AAGCT ATG GAT GCA AGT GCA GCA GCC ATA AAT GTC AAT GCC CAT 0243 15

Met Asp Ala Ser Ala Ala Ala Ile Asn Val Asn Ala His

5 10

TTA ACA GAA GTT GGA AAG AAA CGT TTT TTA GGA GAG AGA ATC AGT 0288 20

Leu Thr Glu Val Gly Lys Lys Arg Phe Leu Gly Glu Arg Ile Ser

15 20 25 25

CAA AGT TTG AAG GGT AAA GAT CTG AGA GCT CTG TTT TCA AGA ACT 0333

Gln Ser Leu Lys Gly Lys Asp Leu Arg Ala Leu Phe Ser Arg Thr 30

30 35 40

GAG AGC AAG GGT AGA AAT GTC AAT AAA CCT GGG GTT GCA TTT TCT 0378 35

Glu Ser Lys Gly Arg Asn Val Asn Lys Pro Gly Val Ala Phe Ser

45 50 55 40

GTT CTC ACC TCA GAT TTT AAT CAA AGT GTT AAA GAA TCT TTG AAA 0423

Val Leu Thr Ser Asp Phe Asn Gln Ser Val Lys Glu Ser Leu Lys

60 65 70 45

50

55

60

65

DE 43 17 596 A1

	TAT GAG CCA GCA TTA TTT GAA TCT CCA AAA GCT GAC CCA AAA AAT	0468
	Tyr Glu Pro Ala Leu Phe Glu Ser Pro Lys Ala Asp Pro Lys Asn	
5	75 80 85	
	GTG GCT GCA ATT GTG CTG GGT GGT GGT GCT GGG ACT CGC CTC TTT	0513
10	Val Ala Ala Ile Val Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Phe	
	90 95 100	
	CCT CTT ACT AGC AGG AGA GCT AAG CCA GCA GTG CCA ATT GGA GGG	0558
15	Pro Leu Thr Ser Arg Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Ile Gly Gly	
	105 110 115	
20		
	TGT TAC AGG CTG ATT GAT GTG CCT ATG AGC AAC TGC ATC AAC AGT	0603
25	Cys Tyr Arg Leu Ile Asp Val Pro Met Ser Asn Cys Ile Asn Ser	
	120 125 130	
	GGC ATT AGA AAG ATT TTC ATT CTT ACC CAG TTC AAT TCG TTT TCG	0648
30	Gly Ile Arg Lys Ile Phe Ile Leu Thr Gln Phe Asn Ser Phe Ser	
	135 140 145	
35		
	CTT AAT CGT CAT CTT GCT CGA ACC TAT AAT TTT GGA GAT GGT GTG	0693
40	Leu Asn Arg His Leu Ala Arg Thr Tyr Asn Phe Gly Asp Gly Val	
	150 155 160	
	AAT TTT GGG GAT GGC TTT GTG GAG GTT TTT GCT GCT ACA CAA ACA	0738
45	Asn Phe Gly Asp Gly Phe Val Glu Val Phe Ala Ala Thr Gln Thr	
	165 170 175	
	CCT GGA GAA TCA GGA AAG AAA TGG TTC CAG GGC ACC GCT GAT GCA	0783
50	Pro Gly Glu Ser Gly Lys Lys Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala	
	180 185 190	
55		
	GTA AGA CAG TTT TTC TGG GCA TTT GAG GAT TCC AAA TCC AAG GAT	0828
60	Val Arg Gln Phe Phe Trp Ala Phe Glu Asp Ser Lys Ser Lys Asp	
	195 200 205	

65

DE 43 17 596 A1

GTC	GAG	CAT	ATA	GTT	ATT	TTA	TCC	GGT	GAT	CAT	CTT	TAC	CGA	ATG	0873	
Val	Glu	His	Ile	Val	Ile	Leu	Ser	Gly	Asp	His	Leu	Tyr	Arg	Met		
210						215					220					5
GAT	TAC	ATG	AGT	TTT	TGG	CAG	AAG	CAC	ATT	GAC	ACC	AAT	GCT	GAT	0918	
Asp	Tyr	Met	Ser	Phe	Trp	Gln	Lys	His	Ile	Asp	Thr	Asn	Ala	Asp		10
225						230					235					
ATT	ACA	GTG	TCA	TGC	ATA	CCC	ATG	GAT	GAC	AGC	CGT	GCA	TCG	GAT	0963	15
Ile	Thr	Val	Ser	Cys	Ile	Pro	Met	Asp	Asp	Ser	Arg	Ala	Ser	Asp		
240						245					250					20
TAT	GGG	CTG	ATG	AAG	ATT	GAT	CAC	ACT	GGA	CGC	ATT	GTC	CAT	TTT	1008	
Tyr	Gly	Leu	Met	Lys	Ile	Asp	His	Thr	Gly	Arg	Ile	Val	His	Phe		25
255						260					265					
GCA	GAA	AAA	CCC	AAG	GGT	TCT	GAT	CTA	ACA	GCA	ATG	CAA	GTA	GAT	1053	
Ala	Glu	Lys	Pro	Lys	Gly	Ser	Asp	Leu	Thr	Ala	Met	Gln	Val	Asp		30
270						275					280					
ACA	ACT	GTT	CTT	GGG	CTC	TCT	GAC	CTT	GAA	GCT	ATG	TCA	AAT	CCA	1098	35
Thr	Thr	Val	Leu	Gly	Leu	Ser	Asp	Leu	Glu	Ala	Met	Ser	Asn	Pro		
285						290					295					40
TAT	ATT	GCA	TCA	ATG	GGT	GTT	TAT	GTC	TTT	CGA	ACG	GAT	GTT	CTT	1143	
Tyr	Ile	Ala	Ser	Met	Gly	Val	Tyr	Val	Phe	Arg	Thr	Asp	Val	Leu		45
300						305					310					
ATG	GAG	CTT	CTC	AAT	CGA	AAA	TAC	CCT	TCA	AGC	AAT	GAT	TTT	GGC	1188	50
Met	Glu	Leu	Leu	Asn	Arg	Lys	Tyr	Pro	Ser	Ser	Asn	Asp	Phe	Gly		
315						320					325					55
TCT	GAG	ATT	ATT	CCT	TCA	GCT	GTA	GGA	GAG	TCT	AAT	GTT	CAG	GCA	1233	
Ser	Glu	Ile	Ile	Pro	Ser	Ala	Val	Gly	Glu	Ser	Asn	Val	Gln	Ala		60
330						335					340					

DE 43 17 596 A1

	TAT CTA TTT AAT GAC TAC TGG GAG GAT ATC GGA ACC ATA AAG TCT	1278
	Tyr Leu Phe Asn Asp Tyr Trp Glu Asp Ile Gly Thr Ile Lys Ser	
5	345 350 355	
	TTC TTT GAT TCC AAT TTG GCC CTT ACA CAA CAG CCT CCC AAG TTT	1323
10	Phe Phe Asp Ser Asn Leu Ala Leu Thr Gln Gln Pro Pro Lys Phe	
	360 365 370	
	GAA TTC TAC GAT CCA AAA ACA CCT TTT TAT ACA TCT GCA AGA TTT	1368
15	Glu Phe Tyr Asp Pro Lys Thr Pro Phe Tyr Thr Ser Ala Arg Phe	
	375 380 385	
20	CTG CCT CCT ACA AAA GTC GAC AGG TGC AAG ATT GTC GAT TCC ATT	1413
	Leu Pro Pro Thr Lys Val Asp Arg Cys Lys Ile Val Asp Ser Ile	
25	390 395 400	
	GTA TCC CAT GGT TGT TTT CTA CAG GAG TCT AGC ATC CAA CAT TCC	1458
30	Val Ser His Gly Cys Phe Leu Gln Glu Ser Ser Ile Gln His Ser	
	405 410 415	
35	ATT GTT GGT GTT CGC TCA AGA TTA GAG TCC GGG GTT GAG TTC CAG	1503
	Ile Val Gly Val Arg Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Glu Phe Gln	
40	420 425 430	
	GAC ACC ATG ATG ATG GGC GCA GAT TAC TAT CAA ACT GAA TCA GAA	1548
45	Asp Thr Met Met Met Gly Ala Asp Tyr Tyr Gln Thr Glu Ser Glu	
	435 440 445	
50	ATT GCT TCT CTG CTT GCT GAG GGA AAG GTT CCT GTT GGT GTC GGA	1593
	Ile Ala Ser Leu Leu Ala Glu Gly Lys Val Pro Val Gly Val Gly	
	450 455 460	
55	CAG AAT ACC AAA ATA AAG AAT TGC ATA ATT GAC AAG AAC GCC AAA	1638
	Gln Asn Thr Lys Ile Lys Asn Cys Ile Ile Asp Lys Asn Ala Lys	
60	465 470 475	
65		

DE 43 17 596 A1

ATT GGA AAA GAT GTG GTA ATC GCA AAC ACG GAT GGT GTT GAG GAA	1683	
Ile Gly Lys Asp Val Val Ile Ala Asn Thr Asp Gly Val Glu Glu		
480 485 490		5
GCA GAT AGA CCA AAT GAA GGC TTT TAC ATC AGG TCG GGC ATT ACC	1728	
Ala Asp Arg Pro Asn Glu Gly Phe Tyr Ile Arg Ser Gly Ile Thr		10
495 500 505		
ATC ATT TTG AAG AAC GCA ACC ATA CAA GAC GGT CTT GTG ATT TAG	1773	15
Ile Ile Leu Lys Asn Ala Thr Ile Gln Asp Gly Leu Val Ile End		
510 515 520		20
ATTTAATCAT AACCTCATTA GAAAGAAATA ATTTTGCATG ATTCCTTTT	1823	
CATGTAACCT AAACCTGGCTA AACCACGAGG TTTTCTCATC TGTATATATA	1873	25
ATATGTCTAT AACTATGGAT AATCTTAATA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA	1923	30
A	1924	
2. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für die kleine Untereinheit der ADP-Glukose-Pyrophosphorylase zu Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq. ID No. 2) hat:		
GG ATA ACT GTG CCA TCA ACC TCC TCA AAG AAC CTC CAA AAT AGC	0044	40
Ile Thr Val Pro Ser Thr Ser Ser Lys Asn Leu Gln Asn Ser		
5 10		45
CTC GCA TTC TCC TCT TCT TCT CTC TCC GGC GAC AAA ATT CAA ACG	0089	
Leu Ala Phe Ser Ser Ser Ser Leu Ser Gly Asp Lys Ile Gln Thr		50
15 20 25		
ACG TCA TTT CTC AAC CGC CGA TAT TGT AGA ATC TCT TCT AGA GCT	0134	
Thr Ser Phe Leu Asn Arg Arg Tyr Cys Arg Ile Ser Ser Arg Ala		55
30 35 40		60
		65

DE 43 17 596 A1

	CCG ATT GTT GTC TCT CCC AAA GCT GTT TCT GAT TCT AAG AAT TCG	0179
	Pro Ile Val Val Ser Pro Lys Ala Val Ser Asp Ser Lys Asn Ser	
5	45 50 55	
	CAG ACT TGT CTT GAC CCT GAA GCC AGC CGT AGT GTT CTT GGT ATT	0224
10	Gln Thr Cys Leu Asp Pro Glu Ala Ser Arg Ser Val Leu Gly Ile	
	60 65 70	
	ATA CTT GGA GGT GGT GCT GGT ACA CGT CTT TAC CCG TTG ACT AAG	0269
15	Ile Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Arg Leu Tyr Pro Leu Thr Lys	
	75 80 85	
20	AAG AGA GCC AAA CCA GCC GTG CCA CTC GGT GCT AAT TAT AGG CTT	0314
	Lys Arg Ala Lys Pro Ala Val Pro Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Leu	
25	90 95 100	
	ATT GAT ATC CCA GTG AGC AAT TGT TTG AAC AGT AAT ATT TCC AAA	0359
30	Ile Asp Ile Pro Val Ser Asn Cys Leu Asn Ser Asn Ile Ser Lys	
	105 110 110	
35	ATA TAT GTT CTT ACA CAA TTC AAT TCT GCT TCT CTG AAT CGT CAT	0404
	Ile Tyr Val Leu Thr Gln Phe Asn Ser Ala Ser Leu Asn Arg His	
40	115 120 125	
	CTT TCG CGG GCA TAT GCT AGC AAC ATG GGA GGA TAC AAA AAT GAG	0449
45	Leu Ser Arg Ala Tyr Ala Ser Asn Met Gly Gly Tyr Lys Asn Glu	
	130 135 140	
50	GGG TTT GTA GAA GTT CTT GCT GCT CAG CAA AGT CCA GAG AAT CCA	0494
	Gly Phe Val Glu Val Leu Ala Ala Gln Gln Ser Pro Glu Asn Pro	
	145 150 155	
55	AAC TGG TTT CAG GGT ACA GCT GAT GCT GTT AGG CAA TAT CTG TGG	0539
	Asn Trp Phe Gln Gly Thr Ala Asp Ala Val Arg Gln Tyr Leu Trp	
60	160 165 170	

65

DE 43 17 596 A1

CTT TTC GAA GAG CAC AAT GTT CTT GAG TAC TTG ATT CTT GCT GGT	0584
Leu Phe Glu Glu His Asn Val Leu Glu Tyr Leu Ile Leu Ala Gly	
175 180 185	5
GAC CAT TTG TAT CGA ATG GAT TAT GAA AGA TTT GTC CAA GCT CAC	0629
Asp His Leu Tyr Arg Met Asp Tyr Glu Arg Phe Val Gln Ala His	10
190 195 200	
AGA GAA ACT GAT GCA GAC ATT ACT GTT GCT GCA TTG CCA ATG GAT	0674 15
Arg Glu Thr Asp Ala Asp Ile Thr Val Ala Ala Leu Pro Met Asp	
205 210 215	20
GAA AAG CGT GCT ACT GCA TTT GGT TTG ATG AAA ATT GAT GAA GAA	0719
Glu Lys Arg Ala Thr Ala Phe Gly Leu Met Lys Ile Asp Glu Glu	
220 225 230	25
GGA AGA ATT ATT GAG TTT GCC GAG AAA CCG AAA GGA GAA CAA TTG	0764
Gly Arg Ile Ile Glu Phe Ala Glu Lys Pro Lys Gly Glu Gln Leu	30
235 240 245	
AAA GCT ATG AAG GTT GAT ACC ACA ATC CTG GGT CTG GAC GAT GAG	0809 35
Lys Ala Met Lys Val Asp Thr Thr Ile Leu Gly Leu Asp Asp Glu	
250 255 260	40
AGA GCA AAA GAA ATG CCA TTC ATA GCC AGC ATG GGC ATA TAT GTT	0854
Arg Ala Lys Glu Met Pro Phe Ile Ala Ser Met Gly Ile Tyr Val	45
265 270 275	
ATT AGC AAA GAT GTA ATG CTT AAT CTG CTT CGG GAG CAA TTT CCT	0899
Ile Ser Lys Asp Val Met Leu Asn Leu Leu Arg Glu Gln Phe Pro	50
280 285 290	
GGT GCT AAT GAT TTT GGA AGT GAA GTT ATT CCA GGC GCC ACT TCC	0944
Gly Ala Asn Asp Phe Gly Ser Glu Val Ile Pro Gly Ala Thr Ser	
295 300 305	55
	60
	65

—

65

DE 43 17 596 A1

GTC AAG ATT ATC AAC AGT GAC AAT GTA CAA GAA GCA GCA AGA GAA 1394
Val Lys Ile Ile Asn Ser Asp Asn Val Gln Glu Ala Ala Arg Glu
445 450 455

ACA GAC GGA TAC TTC ATA AAG AGC GGA ATA GTC ACT ATA ATC AAG 1439
Thr Asp Gly Tyr Phe Ile Lys Ser Gly Ile Val Thr Ile Ile Lys 10
460 465 470

GAC GCC ATG ATT CCA AGT GGA ACT GTA ATC TAG AAATGGAGCA 1482 15
Asp Ala Met Ile Pro Ser Gly Thr Val Ile End
475 480 485

TATAATAAAT ATCACTGCCT ATTTACAGTA CCTATCTGAG TCTCCCACCA 1532

TGACCCTTTG ATTCAATCTT TTAGTTATGT AAATATTTT GGCTTTTGCG 1582²⁵

ATTTTGCCAT AAATTTGAAG AAGCGAGGAT TCAGGGACGA TAGTGCTATG 1632

AATTGGAAGA AAGGATTTGG GGGATATCTT TGTAAGACA TTTTGACTAC 1682

TGGGCACTAA AAATTTGGTA ATGCTATACC AAAATATATA AAAAGATCTT 1732³⁵

GCTGGGTTTT GGTAAAAAAA AAAAAAAAAA A 1763

3. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für Saccharosephosphat-Synthase zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration, dadurch gekennzeichnet, daß diese Sequenz die folgende Nukleotidabfolge (Seq ID No. 3) hat:

DE 43 17 596 A1

	GGGCTGCAGG GAAGCTCTGA ACTTCAAAA ATG GCG GGA AAT GAT	0044
	Met Ala Gly Asn Asp	
5		5
	TGG ATA AAC AGT TAT TTA GAG GCA ATT CTG GAT GTG GGT CCA GGA	0089
	Trp Ile Asn Ser Tyr Leu Glu Ala Ile Leu Asp Val Gly Pro Gly	
10	10 15 20	
	CTT GAT GAT GCA AAA TCA TCT TTG CTT TTG AGA GAA AGA GGC AGG	0134
15	Leu Asp Asp Ala Lys Ser Ser Leu Leu Leu Arg Glu Arg Gly Arg	
	25 30 35	
20	TTT AGT CCT ACT CGT TAC TTT GTT GAA GAA GTT ATC ACT GGT TTT	0179
	Phe Ser Pro Thr Arg Tyr Phe Val Glu Glu Val Ile Thr Gly Phe	
	40 45 50	
25		
	GAT GAA ACC GAC CTT CAT CGT TCA TGG GTT CGG GCA CAA GCA ACA	0224
30	Asp Glu Thr Asp Leu His Arg Ser Trp Val Arg Ala Gln Ala Thr	
	55 60 65	
35	AGG AGT CCT CAA GAG AGG AAT ACT AGA TTG GAG AAC ATG TGT TGG	0269
	Arg Ser Pro Gln Glu Arg Asn Thr Arg Leu Glu Asn Met Cys Trp	
	70 75 80	
40		
	AGA ATT TGG AAT TTG GCT CGT CAG AAG AAG CAG CTT GAG AAT GAA	0314
	Arg Ile Trp Asn Leu Ala Arg Gln Lys Lys Gln Leu Glu Asn Glu	
45	85 90 95	
50	GAA GCT CAG CGG AAG ACA AAA CGT CGT ATG GAG CTT GAG AGG GGT	0359
	Glu Ala Gln Arg Lys Thr Lys Arg Arg Met Glu Leu Glu Arg Gly	
	100 105 110	
55	CGT CGA GAA GCA ACT GCT GAT ATG TCG GAG GAC TTA TCA GAA GGC	0404
	Arg Arg Glu Ala Thr Ala Asp Met Ser Glu Asp Leu Ser Glu Gly	
	115 120 125	
60		
	GAA AAG GAC ATT TCA GCT CAT GGT GAT AGC ACC CGT CCT AGA TTG	0449
	Glu Lys Asp Ile Ser Ala His Gly Asp Ser Thr Arg Pro Arg Leu	
65	130 135 140	

DE 43 17 596 A1

CCA AGA ATA AAT TCT CTT GAT GCT ATG GAG ACA TGG ATT AGT CAA 0494
Pro Arg Ile Asn Ser Leu Asp Ala Met Glu Thr Trp Ile Ser Gln
145 150 155

5

CAA AAG GAA AAA AAA CTC TAC CTT GTT TTG ATA AGT CTT CAT GGT 0539
Gln Lys Glu Lys Lys Leu Tyr Leu Val Leu Ile Ser Leu His Gly
160 165 170

10

TTG ATA CGA GGT GAA AAC ATG GAA CTT GGC CGT GAT TCT GAT ACT 0584
Leu Ile Arg Gly Glu Asn Met Glu Leu Gly Arg Asp Ser Asp Thr
175 180 185

15

20

GGT GGT CAG GTT AAG TAT GTG GTT GAG CTT GCA AGG GCT CTA GGT 0629
Gly Gly Gln Val Lys Tyr Val Val Glu Leu Ala Arg Ala Leu Gly
190 195 200

25

TCG ATG CCA GGT GTT TAT AGA GTT GAT TTG CTA ACT AGG CAA GTT 0674
Ser Met Pro Gly Val Tyr Arg Val Asp Leu Leu Thr Arg Gln Val
205 210 215

30

TCA TCT CCT GAC GTG GAT TGG AGT TAT GGG GAG CCT ACT GAG ATG 0719
Ser Ser Pro Asp Val Asp Trp Ser Tyr Gly Glu Pro Thr Glu Met
220 225 230

35

40

CTG AAT CCA AGG GAT TCC AAT GGT TTT GAT GAT GAT GAT GAT GAA 0764
Leu Asn Pro Arg Asp Ser Asn Gly Phe Asp Asp Asp Asp Asp Glu
235 240 245

45

ATG GGA GAG AGT AGT GGT GCT TAC ATT GTT CGT ATA CCA TTT GGG 0809
Met Gly Glu Ser Ser Gly Ala Tyr Ile Val Arg Ile Pro Phe Gly
250 255 260

50

55

CCG AGG GAT AAG TAT ATC GCA AAA GAA GAG CTT TGG CCC TAT ATT 0854
Pro Arg Asp Lys Tyr Ile Ala Lys Glu Glu Leu Trp Pro Tyr Ile
265 270 275

60

65

DE 43 17 596 A1

	CCT GAA TTT GTT GAT GGT GCT CTA AAC CAC ATA GTT CAA ATG TCC	0899
	Pro Glu Phe Val Asp Gly Ala Leu Asn His Ile Val Gln Met Ser	
5	280 285 290	
	AAA GTT TTA GGT GAG CAA ATT GGT AGC GGG GAA ACA GTT TGG CCA	0944
10	Lys Val Leu Gly Glu Gln Ile Gly Ser Gly Glu Thr Val Trp Pro	
	295 300 305	
	GTT GCC ATT CAT GGA CAT TAT GCT GAT GCT GGT GAT TCT GCT GCT	0989
15	Val Ala Ile His Gly His Tyr Ala Asp Ala Gly Asp Ser Ala Ala	
	310 315 320	
20	CTT CTT TCT GGT GGC CTA AAT GTT CCA ATG CTT TTA ACG GGG CAT	1034
	Leu Leu Ser Gly Gly Leu Asn Val Pro Met Leu Leu Thr Gly His	
25	325 330 335	
	TCT CTT GGC CGA GAC AAG TTA GAG CAG CTC CTC AAA CAG GGT CGA	1079
30	Ser Leu Gly Arg Asp Lys Leu Glu Gln Leu Leu Lys Gln Gly Arg	
	340 345 350	
35	ATG TCT AAA GAT GAC ATA AAC AAT ACA TAC AAA ATA ATG CGT AGG	1124
	Met Ser Lys Asp Asp Ile Asn Asn Thr Tyr Lys Ile Met Arg Arg	
40	355 360 365	
	ATA GAA GCC GAA GAG TTA TCA CTT GAT GCC TCT GAG ATA GTC ATA	1169
45	Ile Glu Ala Glu Glu Leu Ser Leu Asp Ala Ser Glu Ile Val Ile	
	370 375 380	
	ACT AGT ACA AGA CAA GAA ATA GAA GAG CAA TGG CAC CTC TAT GAT	1214
50	Thr Ser Thr Arg Gln Glu Ile Glu Glu Gln Trp His Leu Tyr Asp	
	385 390 395	
55	GGG TTT GAT CCT GTG CTA GAA CGT AAA CTC CGT GCT AGG ATG AAG	1259
	Gly Phe Asp Pro Val Leu Glu Arg Lys Leu Arg Ala Arg Met Lys	
60	400 405 410	

65

DE 43 17 596 A1

CGT GGT GTA AGC TGT TAT GGA AGG TTC ATG CCC CGG ATG GTT GTT	1304	
Arg Gly Val Ser Cys Tyr Gly Arg Phe Met Pro Arg Met Val Val		
415 420 425		5
ATT CCT CCT GGA ATG GAA TTC AAT CAT ATT GTT CCA CAT GAG GGT	1349	
Ile Pro Pro Gly Met Glu Phe Asn His Ile Val Pro His Glu Gly		10
430 435 440		
GAT ATG GAT GGT GAA ACA GAA GAA ACT GAA GAG CAT CCT ACA TCA	1394	15
Asp Met Asp Gly Glu Thr Glu Glu Thr Glu Glu His Pro Thr Ser		
445 450 455		20
CCT GAT CCA CCT ATC TGG GCT GAG ATT ATG CGC TTC TTT TCT AAA	1439	
Pro Asp Pro Pro Ile Trp Ala Glu Ile Met Arg Phe Phe Ser Lys		25
460 465 470		
CCA AGG AAG CCA ATG ATA CTT GCC CTT GCT AGG CCT GAC CCG AAG	1484	
Pro Arg Lys Pro Met Ile Leu Ala Leu Ala Arg Pro Asp Pro Lys		30
475 480 485		
AAG AAT ATC ACG ACT TTG GTC AAA GCA TTT GGA GAA TGC CGT CCA	1529	35
Lys Asn Ile Thr Thr Leu Val Lys Ala Phe Gly Glu Cys Arg Pro		40
490 495 500		
CTA AGG GAG CTA GCT AAT CTT ACT CTT ATA ATG GGT AAC CGA GAT	1574	
Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Thr Leu Ile Met Gly Asn Arg Asp		45
505 510 515		
GGT ATT GAC GAG ATG TCA AGC ACC AGT TCT TCA GTT CTC CTG TCA	1619	50
Gly Ile Asp Glu Met Ser Ser Thr Ser Ser Ser Val Leu Leu Ser		
520 525 530		
GTG CTT AAG CTA ATT GAT CAA TAC GAC CTT TAT GGT CAA GTA GCA	1664	55
Val Leu Lys Leu Ile Asp Gln Tyr Asp Leu Tyr Gly Gln Val Ala		60
535 540 545		

DE 43 17 596 A1

	TAC	CCC	AAA	CAT	CAC	AAG	CAA	GCT	GAT	GTT	CCT	GAG	ATT	TAT	CGT	1709
	Tyr	Pro	Lys	His	His	Lys	Gln	Ala	Asp	Val	Pro	Glu	Ile	Tyr	Arg	
5						550				555					600	
	TTG	GCA	GCA	AAG	ACA	AAG	GGA	GTC	TTT	ATT	AAT	CCA	GCT	TTT	ATT	1754
10	Leu	Ala	Ala	Lys	Thr	Lys	Gly	Val	Phe	Ile	Asn	Pro	Ala	Phe	Ile	
						605				610					615	
	GAG	CCA	TTT	GGG	CTG	ACT	CTA	ATA	GAG	GCA	GCA	GCT	CAT	GGT	TTA	1799
15	Glu	Pro	Phe	Gly	Leu	Thr	Leu	Ile	Glu	Ala	Ala	Ala	His	Gly	Leu	
						620				625					630	
	CCG	ATG	GTT	GCT	ACG	AAA	AAT	GGA	GGC	CCT	GTT	GAT	ATC	CAG	AGG	1844
20	Pro	Met	Val	Ala	Thr	Lys	Asn	Gly	Gly	Pro	Val	Asp	Ile	Gln	Arg	
						635				640					645	
25																
	GTC	CTT	GAT	AAT	GGT	CTT	CTT	GTG	GAT	CCT	CAT	GAG	CAG	CAG	TCT	1889
30	Val	Leu	Asp	Asn	Gly	Leu	Leu	Val	Asp	Pro	His	Glu	Gln	Gln	Ser	
						650				655					660	
	ATT	GCT	ACT	GCT	TTG	CTG	AAG	CTT	GTT	GCT	GAT	AAG	CAA	CTA	TGG	1934
35	Ile	Ala	Thr	Ala	Leu	Leu	Lys	Leu	Val	Ala	Asp	Lys	Gln	Leu	Trp	
						665				670					675	
	ACA	AAA	TGC	CAG	CAA	AAT	GGA	CTG	AAA	AAT	ATT	CAT	CTC	TAC	TCT	1979
40	Thr	Lys	Cys	Gln	Gln	Asn	Gly	Leu	Lys	Asn	Ile	His	Leu	Tyr	Ser	
						680				685					690	
45																
	TGG	CCA	GAG	CAT	TCG	AAG	ACA	TAC	CTA	TCT	CGA	ATA	GCC	AGT	TCG	2024
50	Trp	Pro	Glu	His	Ser	Lys	Thr	Tyr	Leu	Ser	Arg	Ile	Ala	Ser	Ser	
						695				700					705	
	AGA	CAA	AGG	CAA	CCA	CAG	TGG	CAA	AGA	AGT	AGT	GAT	GAA	GGG	CTT	2069
55	Arg	Gln	Arg	Gln	Pro	Gln	Trp	Gln	Arg	Ser	Ser	Asp	Glu	Gly	Leu	
						710				715					720	
60																
65																

DE 43 17 596 A1

GAC	AAT	CAA	GAG	CCT	GAA	TCT	CCA	AGT	GAT	TCT	TTA	AGA	GAT	ATA	2114	
Asp	Asn	Gln	Glu	Pro	Glu	Ser	Pro	Ser	Asp	Ser	Leu	Arg	Asp	Ile		
				725					730					735		5
AAG	GAT	ATA	TCT	CTA	AAC	CTT	GAA	GTT	CTC	GTT	AGA	CCG	GAG	AAA	2159	
Lys	Asp	Ile	Ser	Leu	Asn	Leu	Glu	Val	Leu	Val	Arg	Pro	Glu	Lys		10
				740					745					750		
AGG	GTG	AAG	ACG	TTG	AAA	ATC	TTG	GGA	TTG	ATG	ACA	AAA	GCA	AAT	2204	15
Arg	Val	Lys	Thr	Leu	Lys	Ile	Leu	Gly	Leu	Met	Thr	Lys	Ala	Asn		
				755					760					765		20
TCG	AGA	ATG	CTG	TTA	TGT	TCA	TGG	TCT	AAT	GGT	GTC	CAT	AAG	ATG	2249	
Ser	Arg	Met	Leu	Leu	Cys	Ser	Trp	Ser	Asn	Gly	Val	His	Lys	Met		25
				770					775					780		
CTT	CGG	AAG	GCT	CGG	TTC	TCT	GAC	AAA	GTA	GAT	CAG	GCT	TCT	AGT	2294	
Leu	Arg	Lys	Ala	Arg	Phe	Ser	Asp	Lys	Val	Asp	Gln	Ala	Ser	Ser		30
				785					790					795		
AAA	TAT	CCA	GCA	TTT	AGG	AGG	AGA	AAA	CTT	ATA	TAT	GTT	ATT	GCT	2339	35
Lys	Tyr	Pro	Ala	Phe	Arg	Arg	Arg	Lys	Leu	Ile	Tyr	Val	Ile	Ala		40
				800					805					810		
GTA	GAC	GGG	GAT	TAT	GAA	GAT	GGA	CTT	TTT	GAT	ATT	GTT	CGG	AGG	2384	
Val	Asp	Gly	Asp	Tyr	Glu	Asp	Gly	Leu	Phe	Asp	Ile	Val	Arg	Arg		45
				815					820					825		
ATA	TTT	GAT	GCT	GCT	GGC	AAG	GAG	AAG	ATT	GAA	GGT	TCC	ATC	GGG	2429	50
Ile	Phe	Asp	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Lys	Ile	Glu	Gly	Ser	Ile	Gly		
				830					835					840		
TTT	ATA	TTG	TCA	ACA	TCC	TAT	TCT	ATG	CCC	GAA	ATT	CAG	AAC	TAT	2474	55
Phe	Ile	Leu	Ser	Thr	Ser	Tyr	Ser	Met	Pro	Glu	Ile	Gln	Asn	Tyr		60
				845					850					855		65

DE 43 17 596 A1

5	TTG CTA TCA AAA GGC TTC AAT CTT CAT GAT TTT GAT GCA TAT ATA	2519
	Leu Leu Ser Lys Gly Phe Asn Leu His Asp Phe Asp Ala Tyr Ile	
	860 865 870	
10	TGC AAC AGT GGG AGT GAG TTG TAC TAT TCA TCT TTG AAC TCA GAG	2564
	Cys Asn Ser Gly Ser Glu Leu Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Ser Glu	
	875 880 885	
15	GAG AGT AAT ATT ATA GCA GAT TCA GAT TAC CAT TCA CAC ATA GAG	2609
	Glu Ser Asn Ile Ile Ala Asp Ser Asp Tyr His Ser His Ile Glu	
	890 895 900	
20	TAC AGA TGG GGT GGA GAA GGC CTT AGA AGG ACT TTG CTT CGC TGG	2654
	Tyr Arg Trp Gly Gly Glu Gly Leu Arg Arg Thr Leu Leu Arg Trp	
25	905 910 915	
30	GCA GCT TCC ATC ACA GAA AAA AAT GGT GAA AAC GAA GAA CAG GTT	2699
	Ala Ala Ser Ile Thr Glu Lys Asn Gly Glu Asn Glu Glu Gln Val	
	920 925 930	
35	ATT ACT GAA GAT GAA GAA GTT TCT ACG GGT TAT TGC TTT GCG TTT	2744
	Ile Thr Glu Asp Glu Glu Val Ser Thr Gly Tyr Cys Phe Ala Phe	
40	935 940 945	
45	AAA ATA AAG AAC CAA AAT AAG GTT CCC CCT ACG AAG GAG CTC CGC	2789
	Lys Ile Lys Asn Gln Asn Lys Val Pro Pro Thr Lys Glu Leu Arg	
	950 955 960	
50	AAG TCA ATG AGG ATT CAA GCT CTT CGT TGC CAT GTG ATT TAC TGT	2834
	Lys Ser Met Arg Ile Gln Ala Leu Arg Cys His Val Ile Tyr Cys	
	965 970 975	
55	CAG AAC GGA TCT AAA ATG AAT GTG ATT CCA GTA CTA GCA TCC CGT	2879
	Gln Asn Gly Ser Lys Met Asn Val Ile Pro Val Leu Ala Ser Arg	
60	980 985 990	
65		

DE 43 17 596 A1

TCT CAA GCC CTC AGG TAT CTT TAT GTT CGT TGG GGA GTT GAG TTG	2924
Ser. Gln Ala Leu Arg Tyr Leu Tyr Val Arg Trp Gly Val Glu Leu	
995 1000 1005	5
TCG AAG ATG GTT GTC TTT GTT GGA GAA TGT GGT GAC ACA GAT TAT	2969
Ser. Lys Met Val Val Phe Val Gly Glu Cys Gly Asp Thr Asp Tyr	10
1010 1015 1020	
GAA GGC TTG CTT GGC GGG GTC CAT AAA ACC GTA ATA CTG AAG GGA	3014 ¹⁵
Glu Gly Leu Leu Gly Gly Val His Lys Thr Val Ile Leu Lys Gly	
1025 1030 1035	20
GTC TCC AAC ACT GCT TTA AGG TCT CTC CAT GCC AAC AGA AGT TAC	3059
Val Ser Asn Thr Ala Leu Arg Ser Leu His Ala Asn Arg Ser Tyr	
1040 1045 1050	25
CCT CTT TCA CAT GTC GTG TCG CTT GAC AGC CCC AAT ATT GGC GAG	3104 ³⁰
Pro Leu Ser His Val Val Ser Leu Asp Ser Pro Asn Ile Gly Glu	
1055 1060 1065	
GTG AGC AAA GGG TGC AGC AGC TCC GAG ATC CAG TCC ATC GTC ACA	3149 ³⁵
Val Ser Lys Gly Cys Ser Ser Ser Glu Ile Gln Ser Ile Val Thr	
1070 1075 1080	40
AAA CTC TCC AAA GCT TAA TCAGATATCT GCTGCTTTCT TTTGGGTAAG	3197
Lys Leu Ser Lys Ala End	45
1085	
CAAGGTTTCA TCTTATATGA TTATATCATA AGATACTATA TAAGCACCTT	3247 ⁵⁰
ATTGGTAAGT CAGTCCCATATA ATAATAATGT ACTTCAGAAC CACAATACTT	3297
AAAAGTTGGT TCAGTAGTGA TTAGTCTCAT AATAATCATA TAATTACACA	3347 ⁵⁵
TCCGCTGTTA ACTAGTGGTA ATATCTAAGC TCAACAATAA AGATGTAAAA	3397 ⁶⁰
TGCTAGTATG GAAATGAATT GCTAGCTGTT GATCTCTTTC CCTTTATTCT	3447

GTATTATTTTC TTCCTCATC TCATGTAAAA ACAATTTTCT GAAGGTGTAC 3497
 5 AGTTTTTTTCC CCTTATATAT CTGTATTATT TCTACTATTT TTTGTTTGTA 3547
 AGAATATCCT CTCATCGAGG AGTGATAATT AAATAACCGG CTTGCTAAAT 3597
 10 ATAAAGCTTA TTCGAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 3635

15 4. DNA-Sequenz mit der kodierenden Region für Saccharosesynthase zur Herstellung von Zuckerrüben mit
 veränderter Saccharosekonzentration, dadurch gekennzeichnet, daß diese Sequenz die folgende Nukleotid-
 abfolge (Seq. ID No. 4) hat:

20 CT GCA GGA GGG AAA CAA ATT CTT AGC GAT GGC CCG TTT AGC GAA 0044
 Ala Gly Gly Lys Gln Ile Leu Ser Asp Gly Pro Phe Ser Glu
 5 10

25 GTT CTT AGG TCT GCT CAG GAA GCA ATA GTT GTT CCT CCC TTT GTT 0089
 Val Leu Arg Ser Ala Gln Glu Ala Ile Val Val Pro Pro Phe Val
 30 15 20 25

35 GCT ATA GCA GTC CGT CCA AGA CCT GGA GTT TGG GAA TAT GTT CGT 0134
 Ala Ile Ala Val Arg Pro Arg Pro Gly Val Trp Glu Tyr Val Arg
 30 35 40

40 GTT AAT GTC TCT GAA CTG AAT GTG GAG CAG CTA ACT GTG TCT GAG 0179
 Val Asn Val Ser Glu Leu Asn Val Glu Gln Leu Thr Val Ser Glu
 45 45 50 55

50 TAT CTC CAT TTC AAG GAA GAA CTT GTG GAT GGA AAG GCT GAT GAC 0224
 Tyr Leu His Phe Lys Glu Glu Leu Val Asp Gly Lys Ala Asp Asp
 60 65 70

55 CAC TAT GTG CTT GAG CTT GAT TTC GAG CCT TTT AAT GAA TCA GTT 0269
 His Tyr Val Leu Glu Leu Asp Phe Glu Pro Phe Asn Glu Ser Val
 75 80 85

60

65

DE 43 17 596 A1

CCA CGT CCA ACT CGC TCT TCA TCA ATT GGT AAT GGT GTT CAG TTC	0314
Pro Arg Pro Thr Arg Ser Ser Ser Ile Gly Asn Gly Val Gln Phe	
90 95 100	5
CTC AAT CGG CAC CTG TCA TCA AGC ATG TTC TGC AAC AAA GAT TGC	0359
Leu Asn Arg His Leu Ser Ser Ser Met Phe Cys Asn Lys Asp Cys	10
105 110 115	
TTG GAG CCG TTA CTT GAT TTT CTT AGA GTG CAC AAA CAT AAA GGA	040415
Leu Glu Pro Leu Leu Asp Phe Leu Arg Val His Lys His Lys Gly	
120 125 130	20
GTT GTC ATG ATG TTG AAT GAT CGG ATA CAG ACT ATC CAG CGT CTT	0449
Val Val Met Met Leu Asn Asp Arg Ile Gln Thr Ile Gln Arg Leu	
135 140 145	25
CAG TCT GCA TTG TCT AAA GCT GAG GAT TAT CTT ATC AAA CTT CCA	0494
Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Leu Ile Lys Leu Pro	30
150 155 160	
GCA GAT ACA CCT TAC TCT GAG TTC GAA TTT GTA ATC CAA GGT ATG	0539 ³⁵
Ala Asp Thr Pro Tyr Ser Glu Phe Glu Phe Val Ile Gln Gly Met	
165 170 175	40
GGT TTT GAA AGA GGC TGG GGT GAT ACT GCT GAA AGG GTT CTA GAA	0584
Gly Phe Glu Arg Gly Trp Gly Asp Thr Ala Glu Arg Val Leu Glu	
180 185 190	45
ATG ATG CAT CTA CTA CTA GAT ATC CTT CAG GCT CCC GAT CCG TCT	0629
Met Met His Leu Leu Leu Asp Ile Leu Gln Ala Pro Asp Pro Ser	50
195 200 205	
ACA TTA GAG ACA TTT CTG GGA AGA CTT CCC ATG GTG TTT AAT GTG	0674
Thr Leu Glu Thr Phe Leu Gly Arg Leu Pro Met Val Phe Asn Val	
210 215 220	55
	60
	65

DE 43 17 596 A1

5	GTC ATT TTG TCT GTA CAT GGA TAT TTT GGA CAG GCA CAT GTG CTC	0719
	Val Ile Leu Ser Val His Gly Tyr Phe Gly Gln Ala His Val Leu	
	225 230 235	
10	GGC TTG CCT GAC ACT GGT GGG CAG ATA GTT TAT ATA CTT GAC CAA	0764
	Gly Leu Pro Asp Thr Gly Gly Gln Ile Val Tyr Ile Leu Asp Gln	
	240 245 250	
15	GTG CGG TCT CTG GAA CAT GAA ATG CTC CAA CGA ATA AAG AAG CAA	0809
	Val Arg Ser Leu Glu His Glu Met Leu Gln Arg Ile Lys Lys Gln	
	255 260 265	
20	GGA CTA GAT GTG ACT CCT AGA ATT CTT ATC GTG AGT CGG TTG ATT	0854
	Gly Leu Asp Val Thr Pro Arg Ile Leu Ile Val Ser Arg Leu Ile	
25	270 275 280	
30	CCT GAC GCT AAA GGG ACC ACG TGC AAT CAA CGT ATG GAG AAA GTC	0899
	Pro Asp Ala Lys Gly Thr Thr Cys Asn Gln Arg Met Glu Lys Val	
	285 290 295	
35	AGT GGA ACA GAG CAT GCT AGT ATC CTG AGA GTT CCT TTC CGA TCA	0944
	Ser Gly Thr Glu His Ala Ser Ile Leu Arg Val Pro Phe Arg Ser	
40	300 305 310	
45	GAG AAA GGA ATC CTC CGC AAA TGG ATA TCT AGA TTT GAT GTA TGG	0989
	Glu Lys Gly Ile Leu Arg Lys Trp Ile Ser Arg Phe Asp Val Trp	
	315 320 325	
50	CCT TAT TTA GAG ACC TTC ACT GAG GAT GCA GCT GGT GAA ATT ATT	1034
	Pro Tyr Leu Glu Thr Phe Thr Glu Asp Ala Ala Gly Glu Ile Ile	
	330 335 340	
55	GGC GAG TTG CAG GGT CGT CCA GAT CTG ATA ATT GGC AAC TAC AGC	1079
	Gly Glu Leu Gln Gly Arg Pro Asp Leu Ile Ile Gly Asn Tyr Ser	
60	345 350 355	
65		

DE 43 17 596 A1

GAT GGG AAT ATA GTT GCT TCT TTA TTG TCC CAC AAA ATG GGT GTC	1124
Asp Gly Asn Ile Val Ala Ser Leu Leu Ser His Lys Met Gly Val	
360 365 370	5
ACC CAG TGC AAT ATA GCC CAT GCA TTG GAG AAA ACC AAG TAT CCA	1169
Thr Gln Cys Asn Ile Ala His Ala Leu Glu Lys Thr Lys Tyr Pro	10
375 380 385	
GAT TCT GAT ATT TAC TGG AAA AGA TTT GAG GAC AAA TAT CAC TTC	1214 ¹⁵
Asp Ser Asp Ile Tyr Trp Lys Arg Phe Glu Asp Lys Tyr His Phe	
390 395 400	20
TCG TGT CAA TTT TCA GCT GAC TTG ATG GCA ATG AAT CAT GCT GAT	1259
Ser Cys Gln Phe Ser Ala Asp Leu Met Ala Met Asn His Ala Asp	
405 410 415	25
TTC ATC ATT ACG AGT ACT TAC CAA GAG ATA GCT GGA ACG AAG AAT	1304
Phe Ile Ile Thr Ser Thr Tyr Gln Glu Ile Ala Gly Thr Lys Asn	30
420 425 430	
ACT GTT GGT CAA TAT GAA AGC CAT AAG GCC TTT ACT TTT CCG GGG	1349 ³⁵
Thr Val Gly Gln Tyr Glu Ser His Lys Ala Phe Thr Phe Pro Gly	
435 440 445	40
CTG TAT CGG GTG GTT CAC GGG ATT GAT GTC TTT GAT CCC AAG TTT	1394
Leu Tyr Arg Val Val His Gly Ile Asp Val Phe Asp Pro Lys Phe	45
450 455 460	
AAT ATT GTC TCG CCA GGG GCA GAC ATG GCC ATC TAC TTC CCA TTT	1439
Asn Ile Val Ser Pro Gly Ala Asp Met Ala Ile Tyr Phe Pro Phe	50
465 470 475	
TCA GAG AAG GAT GTC ACC TGT CTC ACT TCA CTT CAT AGA CTT ATA	1484
Ser Glu Lys Asp Val Thr Cys Leu Thr Ser Leu His Arg Leu Ile	
480 485 490	60

DE 43 17 596 A1

5	GAG CAG CTC CTA TTC AAA CCT GAG CAG AAC GAA GAA CAC ATT GGT	1529
	Glu Gln Leu Leu Phe Lys Pro Glu Gln Asn Glu Glu His Ile Gly	
	495 500 505	
10	GTA TTA GAT GAT ACC TCA AAG CCA ATT ATA TTT TCC ATG GCG AGG	1574
	Val Leu Asp Asp Thr Ser Lys Pro Ile Ile Phe Ser Met Ala Arg	
	510 515 520	
15	CTA GAC CGT GTG AAG AAT ATA ACA GGG CTG GTA GAG TGC TAT GGC	1619
	Leu Asp Arg Val Lys Asn Ile Thr Gly Leu Val Glu Cys Tyr Gly	
	525 530 535	
20	AAG AAT GCG AAA CTC AGG GAA CTG GCA AAC CTG GTT GTA GTG GCT	1664
	Lys Asn Ala Lys Leu Arg Glu Leu Ala Asn Leu Val Val Val Ala	
25	540 545 550	
30	GGG TAC AAT GAT GTA AAA AAG TCG AAT GAC AGG GAG GAA ATT GCC	1709
	Gly Tyr Asn Asp Val Lys Lys Ser Asn Asp Arg Glu Glu Ile Ala	
	555 560 565	
35	GAA ATC GAG AAG ATG CAC AGG CTT ATA CAG GAG TAT AAT TTA AGA	1754
	Glu Ile Glu Lys Met His Arg Leu Ile Gln Glu Tyr Asn Leu Arg	
40	570 575 580	
45	GGA CAA TTT CGC TGG ATT GCT TCT CAA ACA AAT AGA GTA CGA AAT	1799
	Gly Gln Phe Arg Trp Ile Ala Ser Gln Thr Asn Arg Val Arg Asn	
	585 590 595	
50	GGT GAA CTC TAT CGC TAC ATT TGT GAC AAA GGA GGT ATT TTT GCG	1844
	Gly Glu Leu Tyr Arg Tyr Ile Cys Asp Lys Gly Gly Ile Phe Ala	
	600 605 610	
55	CAG CCT GCA TTT TAT GAA GCA TTT GGG CTT ACA GTT GTT GAA GCC	1889
	Gln Pro Ala Phe Tyr Glu Ala Phe Gly Leu Thr Val Val Glu Ala	
60	615 620 625	

65

DE 43 17 596 A1

ATG ACC TGT GGT CTT CCC ACA TTT GCT ACC TGC CAC GGT GGT CCA	1934
Met. Thr Cys Gly Leu Pro Thr Phe Ala Thr Cys His Gly Gly Pro	
630 635 640	5
GCT GAG ATT ATA GAA GAC GGT GTT TCA GGA TTT CAT ATC GAT CCA	1979
Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Val Ser Gly Phe His Ile Asp Pro	10
645 650 655	
TAT CAT GCT GAT CAG GCA GAA AAA ATG ACT GAA TTC TTT GTC AAG	2024 ¹⁵
Tyr His Ala Asp Gln Ala Glu Lys Met Thr Glu Phe Phe Val Lys	
660 665 670	20
TGC AGA GAG GAT CCA AAC TAC TGG ACT AAA ATC TCT GCA GGA GGG	2069
Cys Arg Glu Asp Pro Asn Tyr Trp Thr Lys Ile Ser Ala Gly Gly	
675 680 685	25
TTA CTA AGG ATC AAA GAA AGA TAT ACC TGG CAA AAG TAT TCT GAA	2114
Leu Leu Arg Ile Lys Glu Arg Tyr Thr Trp Gln Lys Tyr Ser Glu	30
690 695 700	
AGG TTA ATG ACA TTG GCA GGG GTG TAT GGT TTC TGG AAA TAT GTC	2159 ³⁵
Arg Leu Met Thr Leu Ala Gly Val Tyr Gly Phe Trp Lys Tyr Val	
705 710 715	40
TCT AAA CTA GAG AGA AGA GAG ACA CGA CGT TAT CTT GAG ATG TTC	2204
Ser Lys Leu Glu Arg Arg Glu Thr Arg Arg Tyr Leu Glu Met Phe	45
720 725 730	
TAC ATT TTG AAG TTC CGT GAT CTG GCC AAC TCT GTT CCG CTG GCA	2249 ⁵⁰
Tyr Ile Leu Lys Phe Arg Asp Leu Ala Asn Ser Val Pro Leu Ala	
735 740 745	
ACA GAT GAA GAG CCT TCT ACT ACT GAT GCA GTT GCG ACA TTC CGT	2294 ⁵⁵
Thr Asp Glu Glu Pro Ser Thr Thr Asp Ala Val Ala Thr Phe Arg	
750 755 760	60

GGA CCT TGA ACGCTGCTGC TTACTGAGGT TCCAAGTTGT GTATATATTA 2343
Gly Pro End

5

CTGTGAAAGG AATAAGTGTA GCTACACAAA AGGTTCTCAA CTATTAGTAT 2393

10

CTTCTCTGTG TAAATAACGA GAGTGAAAAA TGTAATATTG TTGATGTCTT 2443

15

GAAAACTGAG TTTGCTTTGT TTATTTTAA GTGTATGACA ATATGTATCA 2493

TATAACGGAT TCTTCAGTGA TCATATCAAA AACTACTGAC CATCGAAGTT 2543

20

AATGAAAATC GACAGCAACA 2563

25

5. Derivate von DNA-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1—4, dadurch gekennzeichnet, daß diese Derivate durch Austausch einzelner Basen oder durch zielgerichtete oder nicht-zielgerichtete Mutagenese erhalten werden.

6. Plasmide enthaltend

30

a) einen geeigneten Promotor, der sicherstellt, daß die kodierende Sequenz zum geeigneten Zeitpunkt oder in einem bestimmten Entwicklungszustand in der transgenen Zuckerrübe oder in bestimmten Geweben von transgenen Zuckerrübenpflanzen abgelesen wird,

b) mindestens eine kodierende Sequenz für Zuckerrübe gemäß den Ansprüchen 1—5, die

35

i) so an den Promotor gekoppelt ist, daß die Bildung einer in ein Protein translatierbaren RNA erlaubt wird, wobei das Protein eine enzymatische Aktivität aufweist, die zu einer Veränderung der Saccharosekonzentration in der Pflanze führt oder

ii) die so an den Promotor gekoppelt ist, daß der nicht-kodierende Strang abgelesen wird, was zur Bildung einer sog. "anti-sense" RNA führt, die die Bildung des von einem endogenen Gen in der Pflanze kodierenden Proteins, das in der Saccharosebiosynthese involviert ist, unterdrückt und

c) eine nicht-kodierende Terminations-Sequenz, die die Signale zur Termination des Transkriptes über eine Poly-Adenylierung enthält, umfaßt.

40

7. Verwendung der DNA-Sequenzen und Plasmide gemäß den Ansprüchen 1—6, zur Herstellung von Zuckerrüben mit veränderter Saccharose-Konzentration.

8. Verwendung der DNA-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1—4 zur Herstellung von Derivaten durch zielgerichtete oder nicht-zielgerichtete Mutagenese.

9. Zuckerrüben, enthaltend eine DNA-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1—5.

45

50

55

60

65